



B5

<p>(51) Internationale Patentklassifikation 6 : C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, A61K 38/17</p>	A2	<p>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/47669</p> <p>(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 23. September 1999 (23.09.99)</p>
<p>(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/00908</p> <p>(22) Internationales Anmeldedatum: 19. März 1999 (19.03.99)</p> <p>(30) Prioritätsdaten: 198 13 839.3 20. März 1998 (20.03.98) DE</p> <p>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).</p> <p>(72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).</p>		
<p>(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).</p> <p>Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i></p>		

(54) Title: **HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM TISSUE OF BREAST TUMORS**

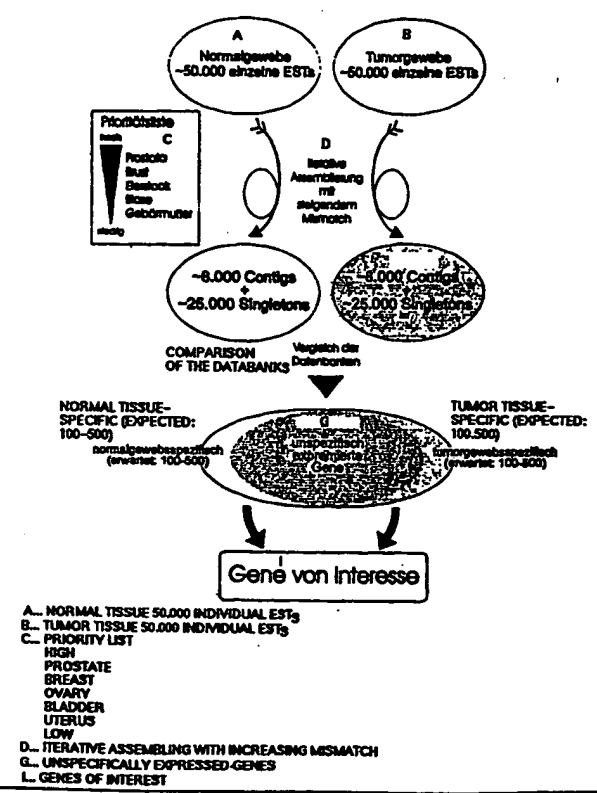
(54) Bezeichnung: **MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS BRUSTTUMORGeweBE**

(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences, mRNA, cDNA, genomic sequences, from tissue of breast tumors which code for gene products or parts thereof, and to the use of said nucleic acid sequences. The invention also relates to the polypeptides obtained from the sequences and to the use thereof.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Brusttumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.



LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauritanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe

- 5 Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.
Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.
- 10 Eine der Haupttodesursachen bei Frauen ist der Brustkrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.
- 15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl
- 20 von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die
- 25 experimentelle Herangehensweise sehr.
- Für die Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen, d.h. Genen, die als Ursache für oder als Folge von bösartigen Entartungen normalen, menschlichen Gewebes angesehen werden können, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs
- 30 besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel
- 35 zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen
- 40 der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.
- 45 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebetyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren
- 50 Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte

gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

- 5 Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Brusttumor eine Rolle spielen.

10 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

15

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161

20

- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

25

oder

- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

30

35 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

40 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 2 bis Seq. ID No. 67 sowie Seq. ID No. 149 bis Seq. ID. 161 und Seq ID. 201 -202, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind

45 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 hybridisieren.

50 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

- 5 Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.
- 10 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.
- 15 Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).
- 20 Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.
- 25 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30 Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
- Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
- 35 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.
- 40 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.
- Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
- 45 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.
- Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.
- 50

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161, sowie deren Verwendung

zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

- 5 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und
- 10 Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).
- 15 Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

5	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
	ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
	Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).
10	Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.
	Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
15		
	N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
	X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren
20		

Erklärung zu den Alignmentparametern

25	minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
	maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
	maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

30

Erklärung der Abbildungen

35	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
40	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
45	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.
50		

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Brusttumorgewebe ESTs.

30

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

40

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden in einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

50

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

5

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

25 2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 2 gefunden, die 9x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

30 Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft ein 17-kDa-Interferon-induzierbares Gen..

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
	Blase	0.0000	0.0102	0.0000 undef
	Brust	0.0053	0.0458	0.1165 8.5843
	Eierstock	0.0030	0.0338	0.0899 11.1243
10	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0143	0.2714 3.6843
	Gehirn	0.0085	0.0099	0.8601 1.1626
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801 0.6329
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2599 0.7937
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2855 3.5025
	Niere	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0030	0.1066	0.0281 35.6161
	Prostata	0.0048	0.0043	1.1186 0.8939
25	Uterus	0.0083	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duennndarm	0.0093		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035		
FOETUS				
35		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0031		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
50	Eierstock-Uterus	0.0228		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0082		
	Gastrointestinal	0.0244		
	Haematopoetisch	0.0057		
55	Haut-Muskel	0.0032		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0010		
	Prostata	0.0128		
60	Sinnesorgane	0.0000		

2.1.2.

65 Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 5 gefunden, die 30x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft „macrophage migration inhibition factor related protein 14(MRP-14)“.

Das Ergebnis ist wie folgt:

5

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

10		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0093	0.1508	0.0616	16.2223
	Brust	0.0013	0.0392	0.0340	29.4320
	Eierstock	0.0152	0.0000	undef	0.0000
15	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn	0.0051	0.0055	0.9289	1.0765
	Haematopoetisch	0.0993	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
20	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0261	0.0307	0.8508	1.1753
	Magen-Speiseröhre	0.1062	0.0230	4.6197	0.2165
25	Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9517	1.0508
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0114	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.1258	0.1600	0.7862	1.2720
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus	0.0826	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
35	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1018			
FOETUS					
%Haeufigkeit					
40	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefäesse	0.0000			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000			
55	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0449			
65	Sinnesorgane	0.0000			

2.1.3.

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 16 gefunden, die 30x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft menschliches Tim23, welches im Proteintranslokase-Komplex der inneren mitochondrialen Membran lokalisiert ist. Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
15	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0013	0.0153	0.0874	11.4458
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0082	1.1163	0.8958
	Gastrointestinal	0.0116	0.0095	1.2214	0.8187
20	Gehirn	0.0076	0.0055	1.3934	0.7177
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
25	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0100	0.0024	4.2137	0.2373
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
30	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
35	Duenn darm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
40		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0000			
50	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0046	0.0128	0.3637	2.7495
10	Brust	0.0067	0.0174	0.3822	2.6162
	Eierstock	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0082	0.2233	4.4791
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0339	0.0110	3.0964	0.3230
15	Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0137	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7138	1.4010
	Niere	0.0030	0.0342	0.0868	11.5165
	Pankreas	0.0057	0.0110	0.5143	1.9446
25	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0085	0.2797	3.5758
	Uterus	0.0116	0.0071	1.6246	0.6155
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0093			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
40	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock-Uterus	0.0091			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
55	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
60	Nerven	0.0291			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0093		0.0256		0.3637	2.7495
	Brust	0.0133		0.0283		0.4704	2.1256
	Eierstock	0.0091		0.0104		0.8765	1.1409
10	Endokrines_Gewebe	0.0274		0.0490		0.5582	1.7916
	Gastrointestinal	0.0116		0.0095		1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0212		0.0164		1.2902	0.7751
	Haematopoetisch	0.0084		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0348		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0149		0.0259		0.5739	1.7426
	Herz	0.0191		0.0137		1.3873	0.7208
	Hoden	0.0122		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0162		0.0165		0.9782	1.0223
	Magen-Speiserohre	0.0290		0.0153		1.8899	0.5291
20	Muskel-Skelett	0.0069		0.0120		0.5710	1.7513
	Niere	0.0178		0.0068		2.6050	0.3839
	Pankreas	0.0038		0.0221		0.1714	5.8337
	Penis	0.0180		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0214		0.0234		0.9152	1.0926
25	Uterus	0.0182		0.0214		0.8510	1.1751
	Brust-Hyperplasie	0.0073					
	Duennndarm	0.0218					
	Prostata-Hyperplasie	0.0357					
	Samenblase	0.0178					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0218					
		FOETUS					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0154					
	Gehirn	0.0125					
	Haematopoetisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0123					
	Lunge	0.0111					
	Niere	0.0124					
	Prostata	0.0499					
	Sinnesorgane	0.0000					
45							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0183					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0076					
	Gastrointestinal	0.0488					
	Haematopoetisch	0.0000					
55	Haut-Muskel	0.0259					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0090					
	Prostata	0.0128					
60	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5					
	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0053	0.0196	0.2718	3.6790
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071	2.4562
	Gehirn	0.0076	0.0033	2.3223	0.4306
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0099	0.0129	0.7651	1.3069
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0050	0.0142	0.3511	2.8478
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0167	0.0128	1.3051	0.7662
	Uterus	0.0033	0.0142	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0122			
55	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
60	Prostata	0.0256			
	Sinnesorgane	0.0000			
65					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0186	0.0051	3.6370 0.2750
	Brust	0.0147	0.0261	0.5606 1.7838
	Eierstock	0.0182	0.0234	0.7791 1.2836
10	Endokrines_Gewebe	0.0456	0.0245	1.8605 0.5375
	Gastrointestinal	0.0233	0.0190	1.2214 0.8187
	Gehirn	0.0314	0.0230	1.3639 0.7332
	Haematopoetisch	0.0196	0.0378	0.5175 1.9325
	Haut	0.0199	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0050	0.0388	0.1275 7.8416
	Herz	0.0328	0.0275	1.1947 0.8371
	Hoden	0.0183	0.0351	0.5224 1.9144
	Lunge	0.0149	0.0284	0.5267 1.8986
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0460	0.4200 2.3811
20	Muskel-Skelett	0.0223	0.0480	0.4639 2.1554
	Niere	0.0208	0.0205	1.0130 0.9871
	Pankreas	0.0246	0.0055	4.4569 0.2244
	Penis	0.0449	0.0267	1.6846 0.5936
	Prostata	0.0167	0.0383	0.4350 2.2987
25	Uterus	0.0231	0.0214	1.0831 0.9233
	Brust-Hyperplasie	0.0109		
	Duennndarm	0.0125		
	Prostata-Hyperplasie	0.0357		
	Samenblase	0.0356		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0165		
FOETUS				
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0307		
	Gastrointestenstinal	0.0247		
	Gehirn	0.0375		
	Haematopoetisch	0.0118		
	Herz-Blutgefaessee	0.0204		
40	Lunge	0.0296		
	Niere	0.0185		
	Prostata	0.0249		
	Sinnesorgane	0.0279		
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit		
45	Brust	0.0068		
	Eierstock-Uterus	0.0068		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
50	Foetal	0.0093		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0114		
	Haut-Muskel	0.0097		
	Hoden	0.0078		
	Lunge	0.0082		
55	Nerven	0.0100		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0155		

60

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0139	0.0281	0.4959	2.0163
	Brust	0.0080	0.0414	0.1931	5.1778
10	Eierstock	0.0122	0.0260	0.4674	2.1393
	Endokrines_Gewebe	0.0274	0.0354	0.7728	1.2940
	Gastrointestinal	0.0252	0.0333	0.7561	1.3226
	Gehirn	0.0237	0.0175	1.3547	0.7382
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0149	0.1693	0.0881	11.3508
	Hepatisch	0.0149	0.0129	1.1477	0.8713
	Herz	0.0381	0.0412	0.9249	1.0812
	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0174	0.0615	0.2836	3.5259
20	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0383	0.2520	3.9685
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9517	1.0508
	Niere	0.0208	0.0548	0.3799	2.6323
	Pankreas	0.0284	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0180	0.1066	0.1685	5.9360
25	Prostata	0.0119	0.0213	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0116	0.0285	0.4061	2.4622
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duenndarm	0.0374			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
30	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0216			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0245			
	Lunge	0.0259			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0748			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0205			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0233			
	Gastrointestinal	0.0366			
55	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0615			
	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0181			
60	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0387			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0128	0.3637	2.7495
	Brust	0.0053	0.0218	0.2446	4.0878
	Eierstock	0.0122	0.0026	4.6745	0.2139
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0109	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0213	0.0048	4.4784	0.2233
	Gehirn	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0297	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0137	0.4624	2.1624
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0324	0.0189	1.7118	0.5842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0208	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0214	0.0085	2.5169	0.3973
25	Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenn darm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
FOETUS					
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0148			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0256			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0179	0.7793	1.2831
	Brust	0.0133	0.0414	0.3219	3.1067
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0027	2.6791	0.3733
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0093	0.0153	0.6082	1.6441
15	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0129	0.3826	2.6139
20	Herz	0.0085	0.0137	0.6166	1.6218
	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0237	0.0213	1.1120	0.8993
25	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0180	0.5710	1.7513
	Niere	0.0030	0.0479	0.0620	16.1231
30	Pankreas	0.0038	0.0221	0.1714	5.8337
	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9360
	Prostata	0.0071	0.0085	0.8390	1.1919
35	Uterus	0.0050	0.0214	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0182			
	Duennndarm	0.0062			
40	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	Weisse_Blutkoerperchen	0.0331			
50					
55					
60					

FOETUS
%Haeufigkeit

35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

50	Brust	0.0340
	Eierstock-Uterus	0.0023
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
60	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0656
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0387

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
	Brust	0.0160	0.0545	0.2936	3.4065
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0082	1.1163	0.8958
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0275	0.0771	12.9744
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0106	0.4475	2.2349
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
30	Brust-Hyperplasie	0.0218			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
FOETUS					
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
55	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
60	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0186		0.0128		1.4548	0.6874
	Brust	0.0093		0.0283		0.3293	3.0366
	Eierstock	0.0122		0.0026		4.6745	0.2139
10	Endokrines_Gewebe	0.0237		0.0136		1.7414	0.5742
	Gastrointestinal	0.0271		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0068		0.0120		0.5630	1.7762
	Haematopoetisch	0.0084		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0198		0.0065		3.0606	0.3267
	Herz	0.0307		0.0275		1.1176	0.8948
	Hoden	0.0122		0.0234		0.5224	1.9144
	Lunge	0.0125		0.0047		2.6336	0.3797
	Magen-Speiserohre	0.0290		0.0230		1.2599	0.7937
20	Muskel-Skelett	0.0086		0.0180		0.4758	2.1015
	Niere	0.0119		0.0137		0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038		0.0166		0.2286	4.3753
	Penis	0.0539		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0214		0.0341		0.6292	1.5892
25	Uterus	0.0446		0.0142		3.1331	0.3192
	Brust-Hyperplasie	0.0036					
	Duennndarm	0.0093					
	Prostata-Hyperplasie	0.0149					
	Samenblase	0.0534					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0307					
	Gastrointestinal	0.0308					
	Gehirn	0.0063					
	Haematopoetisch	0.0039					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0082					
	Lunge	0.0370					
	Niere	0.0062					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0204					
50	Eierstock-Uterus	0.0114					
	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0099					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0285					
55	Haut-Muskel	0.0130					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0110					
	Prostata	0.0128					
60	Sinnesorgane	0.0155					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust	0.0080	0.0261	0.3058 3.2702
	Eierstock	0.0061	0.0234	0.2597 3.8507
	Endokrines Gewebe	0.0073	0.0163	0.4465 2.2395
10	Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285 0.6141
	Gehirn	0.0076	0.0077	0.9953 1.0047
	Haematopoetisch	0.0182	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0388	0.0000 undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0125	0.0165	0.7524 1.3290
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6300 1.5874
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000
20	Niere	0.0149	0.0137	1.0854 0.9213
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428 2.9168
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369 2.9680
	Prostata	0.0524	0.0341	1.5381 0.6501
	Uterus	0.0066	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenn darm	0.0062		
	Prostata-Hyperplasie	0.0386		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0235		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0154		
	Gastrointestenstinal	0.0092		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefesaesse	0.0041		
40	Lunge	0.0259		
	Niere	0.0247		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
			%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0183		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0181		
	Gastrointestinal	0.0366		
	Haematopoetisch	0.0285		
	Haut-Muskel	0.0324		
55	Hoden	0.0078		
	Lunge	0.0246		
	Nerven	0.0020		
	Prostata	0.0705		
60				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0077	0.6062	1.6497
	Brust	0.0040	0.0240	0.1668	5.9954
	Eierstock	0.0030	0.0130	0.2337	4.2786
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0271	0.0095	2.8499	0.3509
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0448	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0087	0.0071	1.2290	0.8137
	Magen-Speiseroehre	0.0869	0.0230	3.7798	0.2646
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0180	0.0533	0.3369	2.9680
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
25	Uterus	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
FOETUS					
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0120	0.0763	0.1573	6.3588
	Eierstock	0.0608	0.0234	2.5969	0.3851
10	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0245	0.2977	3.3593
	Gastrointestinal	0.0872	0.1000	0.8724	1.1462
	Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0149	0.0388	0.3826	2.6139
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0355	0.1405	7.1196
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0119	0.0958	0.1243	8.0455
25	Uterus	0.0017	0.0214	0.0774	12.9263
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0436			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0247			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0205			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0321			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0067		0.0261		0.2548	3.9243
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0018		0.0000		undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0039		0.0048		0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0017		0.0022		0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0112		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef
	Herz	0.0042		0.0137		0.3083	3.2436
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0037		0.0024		1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0030		0.0137		0.2171	4.6066
	Pankreas	0.0000		0.0055		0.0000	undef
	Penis	0.0060		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0024		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073					
	Duennndarm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052					
		FOETUS					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0068					
	Eierstock-Uterus	0.0046					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0023					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0228					
55	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0064					
60	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0093	0.0218	0.4281	2.3359
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0033	1.8062	0.5536
	Haematopoetisch	0.0126	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0847	0.0587	17.0262
15	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0138	0.0137	1.0020	0.9980
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0112	0.0024	4.7404	0.2110
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0537	0.1800	5.5559
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
	Niere	0.0119	0.0274	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9040
	Prostata	0.0143	0.0043	3.3559	0.2980
25	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0157			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0114			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0131	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0136	0.0048	2.8499	0.3509
	Gehirn	0.0059	0.0099	0.6021	1.6609
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0597	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0064	0.0137	0.4624	2.1624
	Hoden	0.0000	0.0351	0.0000	undef
	Lunge	0.0012	0.0095	0.1317	7.5943
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0230	0.8399	1.1905
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420	0.8756
	Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0143	0.0213	0.6712	1.4899
25	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0245			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0185			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
50	Eierstock-Uterus	0.0297			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0222			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0064			
60	Sinnesorgane	0.0077			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0102	0.4546	2.1996
	Brust	0.0027	0.0174	0.1529	6.5404
	Eierstock	0.0152	0.0234	0.6492	1.5403
10	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0327	0.4465	2.2395
	Gastrointestinal	0.0291	0.0095	3.0535	0.3275
	Gehirn	0.0203	0.0252	0.8078	1.2380
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0137	0.0118	1.1588	0.8630
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett	0.0206	0.0060	3.4261	0.2919
	Niere	0.0327	0.0411	0.7960	1.2563
	Pankreas	0.0114	0.0221	0.5143	1.9446
20	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0286	0.0234	1.2203	0.8195
	Uterus	0.0165	0.0071	2.3208	0.4309
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenndarm	0.0187			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0122			
30		FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0154			
35	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0368			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0124			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0228			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0035			
50	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0246			
55	Nerven	0.0090			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	y				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0131	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0102	0.0077	1.3270	0.7536
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0047	0.2634	3.7971
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0240	0.1428	7.0051
	Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9040
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
25	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase 0.0093	0.0077	1.2123 0.8249
	Brust 0.0067	0.0131	0.5096 1.9621
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0042	0.0175	0.2419 4.1338
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0064	0.0412	0.1541 6.4872
	Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0062	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0120	0.1428 7.0051
	Niere 0.0089	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0000	0.0267	0.0000 undef
	Prostata 0.0095	0.0021	4.4745 0.2235
25	Uterus 0.0033	0.0142	0.2321 4.3088
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0307		
	Gastrointestinal 0.0062		
	Gehirn 0.0250		
	Haematopoetisch 0.0197		
40	Herz-Blutgefuesse 0.0000		
	Lunge 0.0185		
	Niere 0.0062		
	Prostata 0.0249		
	Sinnesorgane 0.0558		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0068		
50	Eierstock-Uterus 0.0091		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0012		
	Gastrointestinal 0.0244		
	Haematopoetisch 0.0000		
55	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0070		
	Prostata 0.0064		
60	Sinnesorgane 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5		Blase	0.0000	0.0102		0.0000	undef
		Brust	0.0013	0.0109		0.1223	8.1755
		Eierstock	0.0030	0.0052		0.5843	1.7114
10		Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0082		0.4465	2.2395
		Gastrointestinal	0.0058	0.0000		undef	0.0000
		Gehirn	0.0025	0.0307		0.0829	12.0569
		Haematopoetisch	0.0140	0.0000		undef	0.0000
		Haut	0.0050	0.0000		undef	0.0000
15		Hepatisch	0.0050	0.0000		undef	0.0000
		Herz	0.0000	0.0000		undef	undef
		Hoden	0.0000	0.0234		0.0000	undef
		Lunge	0.0037	0.0000		undef	0.0000
		Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000		undef	undef
20		Muskel-Skelett	0.0051	0.0060		0.8565	1.1675
		Niere	0.0000	0.0205		0.0000	undef
		Pankreas	0.0038	0.0000		undef	0.0000
		Penis	0.0000	0.0000		undef	undef
		Prostata	0.0071	0.0043		1.6779	0.5960
25		Uterus	0.0033	0.0000		undef	0.0000
		Brust-Hyperplasie	0.0000				
		Duenn darm	0.0062				
		Prostata-Hyperplasie	0.0059				
		Samenblase	0.0089				
30		Sinnesorgane	0.0000				
		Weisse_Blutkoerperchen	0.0226				
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35		Entwicklung	0.0000				
		Gastrointestinal	0.0031				
		Gehirn	0.0000				
		Haematopoetisch	0.0197				
40		Herz-Blutgefuesse	0.0000				
		Lunge	0.0000				
		Niere	0.0000				
		Prostata	0.0000				
		Sinnesorgane	0.0000				
45							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
		Brust	0.0204				
50		Eierstock-Uterus	0.0023				
		Endokrines_Gewebe	0.0000				
		Foetal	0.0023				
		Gastrointestinal	0.0000				
		Haematopoetisch	0.0114				
55		Haut-Muskel	0.0000				
		Hoden	0.0000				
		Lunge	0.0164				
		Nerven	0.0030				
		Prostata	0.0128				
60		Sinnesorgane	0.0000				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0186		0.0153		1.2123	0.8249
	Brust	0.0133		0.0436		0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0182		0.0130		1.4023	0.7131
10	Endokrines_Gewebe	0.0073		0.0191		0.3827	2.6128
	Gastrointestinal	0.0194		0.0095		2.0357	0.4912
	Gehirn	0.0237		0.0449		0.5287	1.8916
	Haematopoetisch	0.0098		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0099		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0050		0.0065		0.7651	1.3069
	Herz	0.0254		0.0550		0.4624	2.1624
	Hoden	0.0244		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0224		0.0165		1.3544	0.7383
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0307		0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0086		0.0180		0.4758	2.1015
	Niere	0.0208		0.0205		1.0130	0.9871
	Pankreas	0.0114		0.0387		0.2939	3.4030
	Penis	0.0120		0.0267		0.4492	2.2260
	Prostata	0.0214		0.0128		1.6779	0.5960
25	Uterus	0.0066		0.0142		0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0073					
	Duenn darm	0.0031					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0305					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.1537					
	Gastrointestinal	0.0401					
	Gehirn	0.1126					
40	Haematopoetisch	0.0472					
	Herz-Blutgefasse	0.0164					
	Lunge	0.0481					
	Niere	0.0247					
	Prostata	0.0499					
45	Sinnesorgane	0.1954					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0544					
	Eierstock-Uterus	0.0320					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0636					
	Gastrointestinal	0.0610					
55	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.1328					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0191					
60	Prostata	0.0064					
	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0026		1.8185	0.5499
	Brust	0.0027		0.0109		0.2446	4.0878
	Eierstock	0.0000		0.0078		0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0018		0.0054		0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0078		0.0048		1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0263		0.0110		2.3997	0.4167
	Haematopoetisch	0.0042		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0099		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0064		0.0275		0.2312	4.3248
	Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef
	Lunge	0.0112		0.0047		2.3702	0.4219
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051		0.0060		0.8565	1.1675
	Niere	0.0089		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0057		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0150		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0048		0.0064		0.7458	1.3409
25	Uterus	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0036					
	Duennndarm	0.0125					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044					
FOETUS							
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0063					
	Haematopoetisch	0.0079					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0000					
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0136					
50	Eierstock-Uterus	0.0091					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0047					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
55	Haut-Muskel	0.0227					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0246					
	Nerven	0.0231					
	Prostata	0.0064					
60	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0139		0.0230		0.6062	1.6497
	Brust	0.0013		0.0131		0.1019	9.8107
	Eierstock	0.0061		0.0078		0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe	0.0128		0.0027		4.6885	0.2133
	Gastrointestinal	0.0174		0.0048		3.6642	0.2729
	Gehirn	0.0085		0.0142		0.5955	1.6794
	Haematopoetisch	0.0056		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0249		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000		0.0259		0.0000	undef
	Herz	0.0159		0.0137		1.1561	0.8650
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0224		0.0260		0.8619	1.1602
	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0000		undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0154		0.0060		2.5696	0.3892
	Niere	0.0149		0.0137		1.0854	0.9213
	Pankreas	0.0038		0.0110		0.3428	2.9168
	Penis	0.0120		0.0267		0.4492	2.2260
	Prostata	0.0191		0.0255		0.7458	1.3409
25	Uterus	0.0132		0.0071		1.8567	0.5386
	Brust-Hyperplasie	0.0145					
	Duenn darm	0.0093					
	Prostata-Hyperplasie	0.0208					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0183					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0123					
	Gehirn	0.0063					
	Haematopoetisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041					
	Lunge	0.0037					
	Niere	0.0124					
	Prostata	0.0748					
	Sinnesorgane	0.0000					
45							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0204					
50	Eierstock-Uterus	0.0091					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0070					
	Gastrointestinal	0.0366					
	Haematopoetisch	0.0114					
55	Haut-Muskel	0.0356					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0010					
	Prostata	0.0128					
60	Sinnesorgane	0.0155					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686	0.8557
10	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0082	1.5628	0.6399
	Gastrointestinal	0.0097	0.0095	1.0178	0.9825
	Gehirn	0.0068	0.0066	1.0321	0.9689
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0248	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0095	0.3950	2.5314
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420	0.8756
	Niere	0.0149	0.0068	2.1708	0.4607
	Pankreas	0.0057	0.0055	1.0285	0.9723
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0064	0.7458	1.3409
25	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0154			
40	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0091			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0453			
	Hoden	0.0078			
60	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0013		0.0109		0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0027		0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0051		0.0011		4.6446	0.2153
	Haematopoetisch	0.0042		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0048		0.0021		2.2373	0.4470
25	Uterus	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Duenn darm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026					
FOETUS							
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0125					
	Haematopoetisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0062					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
50	Eierstock-Uterus	0.0114					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0017					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0000					
55	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0020					
	Prostata	0.0064					
60	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0102	0.4546	2.1996
	Brust	0.0000	0.0218	0.0000	undef
	Eierstock	0.0122	0.0442	0.2750	3.6368
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0136	0.0190	0.7125	1.4035
	Gehirn	0.0008	0.0077	0.1106	9.0427
	Haematopoetisch	0.0322	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0535	0.0473	1.1324	0.8831
	Magen-Speiseroehre	0.0676	0.0767	0.8819	1.1339
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0114	0.0055	2.0570	0.4861
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0128	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0249			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.1140			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0154			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0067		0.0131		0.5096	1.9621
	Eierstock	0.0061		0.0000		undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0036		0.0000		undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0000		0.0033		0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0084		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0021		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0119		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0024		0.0043		0.5593	1.7879
25	Uterus	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073					
	Duenndarm	0.0031					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0124					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000					
50	Eierstock-Uterus	0.0046					
	Endokrines_Gewebe	0.0490					
	Foetal	0.0029					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
55	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0131					
	Prostata	0.0000					
60	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust	0.0053	0.0283	0.1882	5.3141
	Eierstock	0.0122	0.0130	0.9349	1.0696
10	Endokrines_Gewebe	0.0347	0.0300	1.1569	0.8644
	Gastrointestinal	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0153	0.0131	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
	Herz	0.0127	0.0137	0.9249	1.0812
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0212	0.0165	1.2792	0.7818
20	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6662	1.5011
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0533	0.0562	17.8081
25	Prostata	0.0167	0.0064	2.6101	0.3831
	Uterus	0.0066	0.0071	0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0235			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0274			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0204			
	Gastrointestinal	0.0244			
55	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0421			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0151			
60	Prostata	0.0256			
	Sinnesorgane	0.0542			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0128		0.0000	undef
	Brust	0.0040		0.0218		0.1835	5.4504
	Eierstock	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018		0.0000		undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0058		0.0095		0.6107	1.6375
	Gehirn	0.0000		0.0033		0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0056		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0032		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0012		0.0047		0.2634	3.7971
20	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0055		0.0000	undef
25	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0048		0.0021		2.2373	0.4470
	Uterus	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
30	Duennndarm	0.0031					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0185					
	Prostata	0.0000					
45	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0006					
55	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0228					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
60	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0128					
	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0051		0.0000	undef
	Brust	0.0053		0.0109		0.4893	2.0439
	Eierstock	0.0030		0.0052		0.5843	1.7114
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0027		0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0050		0.0024		2.1069	0.4746
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0048		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0036					
	Duenndarm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0235					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0340					
50	Eierstock-Uterus	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0146					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
55	Haut-Muskel	0.0130					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0181					
	Prostata	0.0000					
60	Sinnesorgane	0.0077					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

5	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0109		0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0030	0.0000		undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000		undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0008	0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000		undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0024		0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000		undef	undef
	Niere	0.0030	0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000	0.0267		0.0000	undef
	Prostata	0.0000	0.0000		undef	undef
25	Uterus	0.0017	0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000				
	Duenn darm	0.0000				
	Prostata-Hyperplasie	0.0000				
	Samenblase	0.0000				
30	Sinnesorgane	0.0118				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
FOETUS						
35	%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000				
	Gastrointestinal	0.0000				
	Gehirn	0.0000				
40	Haematopoetisch	0.0000				
	Herz-Blutgefuesse	0.0000				
	Lunge	0.0000				
	Niere	0.0000				
	Prostata	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
50	%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000				
	Eierstock-Uterus	0.0000				
	Endokrines_Gewebe	0.0000				
	Foetal	0.0029				
55	Gastrointestinal	0.0000				
	Haematopoetisch	0.0000				
	Haut-Muskel	0.0000				
	Hoden	0.0000				
	Lunge	0.0000				
	Nerven	0.0010				
60	Prostata	0.0064				
	Sinnesorgane	0.0000				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0153	0.0874	11.4458
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
FOETUS					
35	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0139		0.0000		undef	0.0000
	Brust	0.0093		0.0196		0.4757	2.1023
	Eierstock	0.0122		0.0078		1.5582	0.6418
10	Endokrines_Gewebe	0.0036		0.0054		0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0097		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0110		0.0131		0.8386	1.1924
	Haematopoetisch	0.0028		0.0378		0.0739	13.5274
15	Haut	0.0348		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0106		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0061		0.0117		0.5224	1.9144
20	Lunge	0.0112		0.0095		1.1851	0.8438
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051		0.0060		0.8565	1.1675
	Niere	0.0089		0.0068		1.3025	0.7678
25	Pankreas	0.0133		0.0055		2.3999	0.4167
	Penis	0.0090		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0095		0.0043		2.2373	0.4470
	Uterus	0.0066		0.0071		0.9283	1.0772
30	Brust-Hyperplasie	0.0109					
	Duenn darm	0.0062					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0089					
35	Sinnesorgane	0.0235					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078					
		FOETUS					
35	Entwicklung	0.0154					
	Gastrointestinal	0.0092					
	Gehirn	0.0125					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Herz-Blutgefasse	0.0082					
	Lunge	0.0296					
	Niere	0.0000					
45	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0046					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0210					
55	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0114					
	Haut-Muskel	0.0032					
	Hoden	0.0000					
60	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0131					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0232	0.0051	4.5462 0.2200
	Brust	0.0027	0.0153	0.1747 5.7229
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895 2.5671
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000 undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0095	0.2036 4.9124
	Gehirn	0.0076	0.0099	0.7741 1.2918
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651 1.3069
	Herz	0.0053	0.0550	0.0963 10.3795
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447 0.9572
	Lunge	0.0037	0.0071	0.5267 1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7798 0.2646
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025 0.7678
	Pankreas	0.0076	0.0055	1.3713 0.7292
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0024	0.0106	0.2237 4.4697
25	Uterus	0.0083	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenn darm	0.0062		
	Prostata-Hyperplasie	0.0089		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0063		
	Haematopoetisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefasse	0.0041		
	Lunge	0.0074		
	Niere	0.0247		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45				
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
50	Eierstock-Uterus	0.0068		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0017		
	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0000		
55	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0020		
	Prostata	0.0128		
60	Sinnesorgane	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5		Blase	0.0000	0.0051		0.0000	undef
		Brust	0.0013	0.0131		0.1019	9.8107
		Eierstock	0.0030	0.0052		0.5843	1.7114
10		Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000		undef	0.0000
		Gastrointestinal	0.0000	0.0000		undef	undef
		Gehirn	0.0068	0.0055		1.2386	0.8074
		Haematopoetisch	0.0042	0.0000		undef	0.0000
		Haut	0.0000	0.0000		undef	undef
15		Hepatisch	0.0099	0.0000		undef	0.0000
		Herz	0.0032	0.0000		undef	0.0000
		Hoden	0.0000	0.0000		undef	undef
		Lunge	0.0000	0.0047		0.0000	undef
		Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153		0.0000	undef
20		Muskel-Skelett	0.0034	0.0000		undef	0.0000
		Niere	0.0089	0.0068		1.3025	0.7678
		Pankreas	0.0000	0.0000		undef	undef
		Penis	0.0030	0.0000		undef	0.0000
		Prostata	0.0000	0.0085		0.0000	undef
25		Uterus	0.0033	0.0000		undef	0.0000
		Brust-Hyperplasie	0.0073				
		Duennndarm	0.0062				
		Prostata-Hyperplasie	0.0059				
		Samenblase	0.0178				
30		Sinnesorgane	0.0000				
		Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35		Entwicklung	0.0154				
		Gastrointestinal	0.0031				
		Gehirn	0.0063				
		Haematopoetisch	0.0000				
40		Herz-Blutgefuesse	0.0000				
		Lunge	0.0000				
		Niere	0.0062				
		Prostata	0.0000				
		Sinnesorgane	0.0000				
45							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
		Brust	0.0000				
50		Eierstock-Uterus	0.0023				
		Endokrines_Gewebe	0.0000				
		Foetal	0.0023				
		Gastrointestinal	0.0000				
		Haematopoetisch	0.0000				
55		Haut-Muskel	0.0065				
		Hoden	0.0000				
		Lunge	0.0082				
		Nerven	0.0000				
		Prostata	0.0000				
60		Sinnesorgane	0.0000				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0053	0.0196	0.2718	3.6790
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
10	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0109	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0097	0.0143	0.6786	1.4737
	Gehirn	0.0059	0.0022	2.7094	0.3691
	Haematopoetisch	0.0042	0.0378	0.1109	9.0183
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0234	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0012	0.0071	0.1756	5.6957
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3350
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
25	Uterus	0.0050	0.0071	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0164			
	Lunge	0.0148			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0137			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0187			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0131			
	Prostata	0.0321			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust 0.0040	0.0153	0.2621 3.8153
	Eierstock 0.0091	0.0286	0.3187 3.1376
	Endokrines Gewebe 0.0182	0.0327	0.5582 1.7916
10	Gastrointestinal 0.0155	0.0095	1.6285 0.6141
	Gehirn 0.0127	0.0099	1.2902 0.7751
	Haematopoetisch 0.0098	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0099	0.0000	undef 0.0000
15	Herz 0.0265	0.0275	0.9634 1.0380
	Hoden 0.0061	0.0117	0.5224 1.9144
	Lunge 0.0149	0.0260	0.5746 1.7403
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0077	1.2599 0.7937
	Muskel-Skelett 0.0103	0.0060	1.7130 0.5838
20	Niere 0.0208	0.0342	0.6078 1.6452
	Pankreas 0.0019	0.0055	0.3428 2.9168
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0024	0.0106	0.2237 4.4697
	Uterus 0.0099	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duennndarm 0.0093		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0052		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0062		
	Gehirn 0.0125		
	Haematopoetisch 0.0236		
	Herz-Blutgefuesse 0.0286		
40	Lunge 0.0074		
	Niere 0.0062		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0279		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0114		
50	Endokrines Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0210		
	Gastrointestinal 0.0244		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0421		
55	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0164		
	Nerven 0.0050		
	Prostata 0.0064		
60	Sinnesorgane 0.0155		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0179		0.0000	undef
	Brust	0.0013		0.0065		0.2039	4.9053
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0018		0.0000		undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0008		0.0022		0.3871	2.5836
	Haematopoetisch	0.0014		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0032		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0012		0.0047		0.2634	3.7971
20	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017		0.0060		0.2855	3.5025
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0055		0.0000	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus	0.0083		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Duenn darm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
30	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
45	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0046					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0064					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
55	Haut-Muskel	0.0065					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0040					
	Prostata	0.0000					
60	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0053	0.0153	0.3495	2.8614
	Eierstock	0.0213	0.0234	0.9089	1.1002
10	Endokrines_Gewebe	0.0182	0.0518	0.3525	2.8368
	Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0136	0.0120	1.1260	0.8881
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0428	0.0117	3.6565	0.2735
20	Lunge	0.0137	0.0142	0.9656	1.0356
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0600	0.0286	35.0255
	Niere	0.0178	0.0479	0.3721	2.6872
25	Pankreas	0.0170	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0383	0.1864	5.3637
	Uterus	0.0066	0.0071	0.9283	1.0772
30	Brust-Hyperplasie	0.0218			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
35	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0218			
FOETUS					
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0123			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefasse	0.0164			
	Lunge	0.0037			
45	Niere	0.0185			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0140			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0434			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0210			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0972			
	Hoden	0.0468			
60	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0151			
	Prostata	0.0321			
60	Sinnesorgane	0.0310			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0232		0.0256		0.9092	1.0998
	Brust	0.0053		0.0131		0.4077	2.4527
	Eierstock	0.0061		0.0078		0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe	0.0109		0.0054		2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0097		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0042		0.0131		0.3225	3.1004
	Haematopoetisch	0.0098		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0249		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0201		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef
	Lunge	0.0125		0.0118		1.0534	0.9493
	Magen-Speiserohre	0.0386		0.0153		2.5198	0.3968
20	Muskel-Skelett	0.0034		0.0060		0.5710	1.7513
	Niere	0.0119		0.0137		0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038		0.0110		0.3428	2.9168
	Penis	0.0090		0.0533		0.1685	5.9360
	Prostata	0.0119		0.0170		0.6991	1.4303
25	Uterus	0.0099		0.0142		0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0073					
	Duennndarm	0.0125					
	Prostata-Hyperplasie	0.0119					
	Samenblase	0.0178					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0307					
	Gastrointestinal	0.0062					
	Gehirn	0.0063					
	Haematopoetisch	0.0236					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041					
	Lunge	0.0037					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0748					
	Sinnesorgane	0.0000					
45							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000					
50	Eierstock-Uterus	0.0205					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0128					
	Gastrointestinal	0.0244					
	Haematopoetisch	0.0057					
55	Haut-Muskel	0.0130					
	Hoden	0.0078					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0030					
	Prostata	0.0128					
60	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0053	0.0153	0.3495	2.8614
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0143	0.2714	3.6843
	Gehirn	0.0034	0.0164	0.2064	4.8443
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0075	0.0047	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0180	0.1903	5.2538
20	Niere	0.0059	0.0137	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0139		0.0102		1.3639	0.7332
	Brust	0.0080		0.0218		0.3669	2.7252
	Eierstock	0.0122		0.0182		0.6678	1.4975
10	Endokrines_Gewebe	0.0128		0.0191		0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0097		0.0286		0.3393	2.9474
	Gehirn	0.0059		0.0110		0.5419	1.8454
	Haematopoetisch	0.0280		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000		0.0129		0.0000	undef
	Herz	0.0127		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0122		0.0117		1.0447	0.9572
	Lunge	0.0100		0.0071		1.4046	0.7120
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0153		0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0223		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0149		0.0137		1.0854	0.9213
	Pankreas	0.0133		0.0442		0.3000	3.3335
	Penis	0.0060		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0095		0.0128		0.7458	1.3409
25	Uterus	0.0264		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036					
	Duenn darm	0.0125					
	Prostata-Hyperplasie	0.0238					
	Samenblase	0.0267					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0123					
	Gehirn	0.0125					
	Haematopoetisch	0.0118					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0111					
	Niere	0.0309					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0000					
45							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0136					
50	Eierstock-Uterus	0.0274					
	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0099					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0228					
55	Haut-Muskel	0.0324					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0131					
	Prostata	0.0000					
60	Sinnesorgane	0.0077					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0051		0.9092	1.0998
	Brust	0.0067		0.0153		0.4368	2.2892
	Eierstock	0.0000		0.0130		0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0091		0.0136		0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0136		0.0143		0.9500	1.0527
	Gehirn	0.0144		0.0088		1.6450	0.6079
	Haematopoetisch	0.0070		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0099		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0042		0.0137		0.3083	3.2436
	Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef
	Lunge	0.0062		0.0095		0.6584	1.5189
20	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0997		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017		0.0180		0.0952	10.5076
	Niere	0.0119		0.0137		0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0095		0.0110		0.8571	1.1667
	Penis	0.0150		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0071		0.0128		0.5593	1.7879
25	Uterus	0.0099		0.0071		1.3925	0.7181
	Brust-Hyperplasie	0.0036					
	Duennndarm	0.0218					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
30	Samenblase	0.0089					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070					
35	FOETUS			%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0157					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
45	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068					
	Eierstock-Uterus	0.0068					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0029					
55	Gastrointestinal	0.0366					
	Haematopoetisch	0.0171					
	Haut-Muskel	0.0032					
	Hoden	0.0078					
	Lunge	0.0082					
60	Nerven	0.0080					
	Prostata	0.0064					
	Sinnesorgane	0.0077					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0204		0.0000	undef
	Brust	0.0000		0.0218		0.0000	undef
	Eierstock	0.0000		0.0026		0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0054		0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0039		0.0048		0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0008		0.0011		0.7741	1.2918
15	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0012		0.0047		0.2634	3.7971
25	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
30	Pankreas	0.0000		0.0110		0.0000	undef
	Penis	0.0000		0.0267		0.0000	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
35	Uterus	0.0033		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Duennndarm	0.0000					
40	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
50	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0062					
	Gehirn	0.0000					
55	Haematopoetisch	0.0079					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
60	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					

FOETUS
%HaeufigkeitNORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0051		0.9092	1.0998
	Brust	0.0027		0.0109		0.2446	4.0878
	Eierstock	0.0091		0.0026		3.5059	0.2852
10	Endokrines_Gewebe	0.0036		0.0054		0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0017		0.0044		0.3871	2.5836
	Haematopoetisch	0.0028		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0847		0.0000	undef
15	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0021		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017		0.0060		0.2855	3.5025
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0057		0.0110		0.5143	1.9446
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0021		0.0000	undef
25	Uterus	0.0033		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Duennndarm	0.0031					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0079					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0074					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
45	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
55	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
60	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0050					
	Prostata	0.0128					
	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0173		0.0523		0.3313	3.0187
	Eierstock	0.0000		0.0026		0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0018		0.0000		undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0028		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0024		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus	0.0066		0.0285		0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0073					
	Duennndarm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
FOETUS							
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
50	Eierstock-Uterus	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
55	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0128					
60	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0061	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071	2.4562
	Gehirn	0.0025	0.0066	0.3871	2.5836
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0234	0.2612	3.8288
	Lunge	0.0025	0.0095	0.2634	3.7971
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0185			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0160			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0035			
55	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
60	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0155			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0245	0.3721	2.6874
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
15	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
25	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
30	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0085	0.2797	3.5758
35	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0031			
40	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
50	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
55	Haematopoetisch	0.0157			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0000			
60	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

FOETUS
%HaeufigkeitNORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
	Blase	0.0046	0.0000	undef 0.0000
	Brust	0.0000	0.0109	0.0000 undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686 0.8557
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698 1.4930
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0034	0.0044	0.7741 1.2918
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855 3.5025
	Niere	0.0059	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428 2.9168
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus	0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenn darm	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestenstinal	0.0092		
	Gehirn	0.0125		
	Haematopoetisch	0.0039		
40	Herz-Blutgefaessee	0.0082		
	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0062		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45				
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
50	Eierstock-Uterus	0.0046		
	Endokrines_Gewebe	0.0490		
	Foetal	0.0058		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
55	Haut-Muskel	0.0065		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0010		
	Prostata	0.0000		
60	Sinnesorgane	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0046	0.0665	0.0699 14.2976
	Brust	0.0080	0.0436	0.1835 5.4504
	Eierstock	0.0061	0.0234	0.2597 3.8507
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal	0.0213	0.0571	0.3732 2.6795
	Gehirn	0.0008	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000 undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0087	0.0142	0.6145 1.6273
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere	0.0119	0.0205	0.5789 1.7275
	Pankreas	0.0133	0.0276	0.4800 2.0835
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0119	0.0106	1.1186 0.8939
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642 2.1544
25	Brust-Hyperplasie	0.0073		
	Duennndarm	0.0343		
	Prostata-Hyperplasie	0.0208		
	Samenblase	0.0178		
	Sinnesorgane	0.0353		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0092		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefuesse	0.0000		
40	Lunge	0.0037		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45				
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0476		
	Eierstock-Uterus	0.0274		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0052		
	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
55	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0000		
	Prostata	0.0064		
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0053	0.0174	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0061	0.0026	2.3372	0.4279
10	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0027	2.6791	0.3733
	Gastrointestinal	0.0097	0.0048	2.0357	0.4912
	Gehirn	0.0059	0.0055	1.0837	0.9227
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0087	0.0071	1.2290	0.8137
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus	0.0099	0.0142	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0154			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
50	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase 0.0093	0.1508	0.0616 16.2223
	Brust 0.0013	0.0392	0.0340 29.4320
	Eierstock 0.0152	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0027	0.6698 1.4930
10	Gastrointestinal 0.0174	0.0048	3.6642 0.2729
	Gehirn 0.0051	0.0055	0.9289 1.0765
	Haematopoetisch 0.0993	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0249	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000 undef
15	Herz 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0261	0.0307	0.8508 1.1753
	Magen-Speiseroehre 0.1062	0.0230	4.6197 0.2165
	Muskel-Skelett 0.0171	0.0180	0.9517 1.0508
20	Niere 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Pankreas 0.0114	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.1258	0.1600	0.7862 1.2720
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus 0.0826	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.1018		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0062		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefuesse 0.0000		
40	Lunge 0.0037		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0052		
	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0000		
55	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0410		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0449		
	Sinnesorgane 0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 149

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0136	0.3679	2.7181
	Blase	0.0078	0.0258	0.3017	3.3143
	Brust	0.0114	0.0225	0.5088	1.9654
	Dickdarm	0.0115	0.0085	1.3456	0.7432
	Duennndarm	0.0192	0.0107	1.8036	0.5545
10	Eierstock	0.0089	0.0095	0.9333	1.0715
	Endokrines_Gewebe	0.0209	0.0337	0.6195	1.6143
	Gehirn	0.0203	0.0170	1.1947	0.8371
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0186	0.0254	0.7324	1.3653
	Herz	0.0183	0.0137	1.3291	0.7524
	Hoden	0.0241	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0146	0.0166	0.8770	1.1402
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0128	2.2671	0.4411
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0074	0.9278	1.0778
	Niere	0.0157	0.0048	3.2497	0.3077
	Pankreas	0.0050	0.0221	0.2244	4.4570
	Prostata	0.0217	0.0169	1.2801	0.7812
	T_Lymphom	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus	0.0163	0.0230	0.7068	1.4148
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0267	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0080			
	Penis	0.0161			
	Samenblase	0.0281			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0303			
45	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0203			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 150

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0117	0.6638	1.5065
	Brust	0.0088	0.0155	0.5693	1.7566
	Dickdarm	0.0211	0.0028	7.4006	0.1351
10	Duennndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0119	0.0024	4.9773	0.2009
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0142	0.2263	4.4181
	Gehirn	0.0035	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0279	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0071	0.0137	0.5169	1.9347
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0292	0.0148	1.9733	0.5068
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0269	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0165	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0141	0.0052	2.7132	0.3686
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0000			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0293			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0243			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 151

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase 0.0000	0.0070	0.0000	undef
	Brust 0.0070	0.0098	0.7157	1.3973
	Dickdarm 0.0038	0.0028	1.3456	0.7432
10	Duennndarm 0.0082	0.0107	0.7730	1.2937
	Eierstock 0.0030	0.0119	0.2489	4.0182
	Endokrines_Gewebe 0.0048	0.0071	0.6790	1.4727
	Gehirn 0.0104	0.0120	0.8704	1.1489
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0046	0.0063	0.7324	1.3653
	Herz 0.0010	0.0137	0.0738	13.5431
	Hoden 0.0000	0.0118	0.0000	undef
	Lunge 0.0010	0.0055	0.1754	5.7011
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0064	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett 0.0086	0.0148	0.5799	1.7246
	Niere 0.0112	0.0193	0.5803	1.7232
	Pankreas 0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata 0.0057	0.0117	0.4823	2.0732
	T_Lymphom 0.0000	0.0149	0.0000	undef
25	Uterus 0.0015	0.0092	0.1606	6.2251
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0080			
	Penis 0.0027			
	Samenblase 0.0070			
30	Sinnesorgane 0.0235			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
35	Gastrointestinal 0.0028			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0039			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0145			
	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0061			
45	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
50	Brust 0.0000			
	Brust_t 0.0000			
	Dickdarm_t 0.0000			
	Eierstock_n 0.0000			
55	Eierstock_t 0.0101			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0006			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
60	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden_n 0.0125			
	Hoden_t 0.0000			
	Lunge_n 0.0195			
	Lunge_t 0.0000			
65	Nerven 0.0100			
	Niere_t 0.0000			
	Ovar_Uterus 0.0068			
	Prostata_n 0.0121			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 152

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0250	0.0136	1.8395	0.5436
	Blase	0.0078	0.0070	1.1063	0.9039
	Brust	0.0097	0.0211	0.4592	2.1776
	Dickdarm	0.0192	0.0057	3.3639	0.2973
10	Duendarm	0.0055	0.0213	0.2577	3.8812
	Eierstock	0.0178	0.0143	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0177	0.2716	3.6818
	Gehirn	0.0191	0.0269	0.7092	1.4100
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0046	0.0063	0.7324	1.3653
	Herz	0.0233	0.0275	0.8491	1.1777
	Hoden	0.0161	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0129	1.2028	0.8314
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0192	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0074	1.1597	0.8623
	Niere	0.0090	0.0096	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0083	0.0387	0.2137	4.6798
	Prostata	0.0057	0.0091	0.6202	1.6125
	T_Lymphom	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0246	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0107			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.1253			
35	Gastrointestinal	0.0305			
	Gehirn	0.0938			
	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0325			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0242			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.1255			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0816			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0354			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0741			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.1458			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0191			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0248			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 153

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0141	0.1879	5.3230
	Dickdarm	0.0000	0.0057	0.0000	undef
10	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0039	0.0018	2.1049	0.4751
	Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0009	0.0013	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0257			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 155

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0047	3.3190	0.3013
	Brust	0.0035	0.0197	0.1789	5.5892
	Dickdarm	0.0096	0.0085	1.1213	0.8918
10	Duenn darm	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0059	0.0048	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0124	0.6467	1.5464
	Gehirn	0.0058	0.0010	5.8026	0.1723
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
	Herz	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0201	0.0118	1.6964	0.5895
	Lunge	0.0010	0.0074	0.1316	7.6015
	Magen-Speiseroehre	0.0217	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0074	0.6958	1.4371
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0047	0.0065	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0101	0.0075	1.3525	0.7394
25	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0304	0.1578	6.3369
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0185			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0141			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0135			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 157

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0136	0.7358	1.3590
	Blase	0.0000	0.0070	0.0000	undef
	Brust	0.0106	0.0141	0.7515	1.3308
	Dickdarm	0.0057	0.0114	0.5046	1.9818
10	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0208	0.0215	0.9678	1.0333
	Endokrines_Gewebe	0.0193	0.0408	0.4724	2.1170
	Gehirn	0.0087	0.0110	0.7913	1.2638
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
	Herz	0.0101	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0361	0.0118	3.0535	0.3275
	Lunge	0.0117	0.0185	0.6315	1.5836
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0369	0.0464	21.5570
	Niere	0.0201	0.0337	0.5969	1.6754
	Pankreas	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0132	0.0247	0.5331	1.8758
	T_Lymphom	0.0177	0.0299	0.5917	1.6900
25	Uterus	0.0059	0.0046	1.2851	0.7781
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0219	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0161			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
35	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0209			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0972			
	Hoden_n	0.0251			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0151			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0450			
	Prostata_n	0.0303			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 158

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef 0.0000
	Blase	0.0156	0.0070	2.2127 0.4519
	Brust	0.0088	0.0155	0.5693 1.7566
	Dickdarm	0.0077	0.0057	1.3456 0.7432
	Duennndarm	0.0082	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0041	0.0209	0.1934 5.1701
	Haut	0.0147	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000 undef
15	Herz	0.0041	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0120	0.0118	1.0178 0.9825
	Lunge	0.0146	0.0055	2.6311 0.3801
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0148	0.3479 2.8743
20	Niere	0.0045	0.0096	0.4642 2.1540
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992 3.3427
	Prostata	0.0047	0.0065	0.7235 1.3821
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Uterus	0.0163	0.0276	0.5890 1.6977
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0053		
	Penis	0.0107		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0118		
30				
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0028		
35	Gehirn	0.0063		
	Haematopoetisch	0.0118		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefuesse	0.0036		
40	Lunge	0.0000		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0124		
	Placenta	0.0061		
	Prostata	0.0499		
45	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000		
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
55	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0041		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0257		
	Haut-Muskel	0.0194		
60	Hoden_n	0.0000		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0098		
	Lunge_t	0.0000		
	Nerven	0.0060		
65	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0068		
	Prostata_n	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 159

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0407	0.1226	8.1542
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
	Brust	0.0097	0.0098	0.9840	1.0162
	Dickdarm	0.0077	0.0171	0.4485	2.2295
10	Duenn darm	0.0055	0.0107	0.5153	1.9406
	Eierstock	0.0089	0.0072	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0106	0.6036	1.6568
	Gehirn	0.0075	0.0090	0.8382	1.1931
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0080	0.0059	1.3571	0.7369
	Lunge	0.0068	0.0055	1.2278	0.8144
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0045	0.0096	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0066	0.0013	5.0646	0.1974
	T_Lymphom	0.0101	0.0075	1.3525	0.7394
25	Uterus	0.0044	0.0230	0.1928	5.1876
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0147			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0257			
60	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden_n	0.0209			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0030			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0774			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 160

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0078	0.0023	3.3190	0.3013
	Brust	0.0009	0.0084	0.1044	9.5814
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0027	0.0107	0.2577	3.8812
10	Eierstock	0.0030	0.0048	0.6222	1.6073
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0018	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0041	0.0040	1.0155	0.9848
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0186	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0009	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0076	0.0075	1.0143	0.9859
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 161

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0047	1.6595	0.6026
	Brust	0.0009	0.0084	0.1044	9.5814
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0107	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0106	0.6036	1.6568
	Gehirn	0.0058	0.0050	1.1605	0.8617
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
15	Herz	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0118	0.3393	2.9475
	Lunge	0.0039	0.0018	2.1049	0.4751
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0022	0.0048	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8975	1.1142
	Prostata	0.0848	0.0651	1.3023	0.7679
	T_Lymphom	0.0076	0.0075	1.0143	0.9859
	Uterus	0.0059	0.0046	1.2851	0.7781
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
			FOETUS		
			%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0104			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0050			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0546			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 201

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0027	0.0305	0.0874	11.4458
	Eierstock	0.0030	0.0833	0.0365	27.3828
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0109	0.1674	5.9721
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0576	0.0548	1.0528	0.9499
15	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.1693	0.0587	17.0262
	Hepatisch	0.0446	0.1812	0.2459	4.0660
20	Herz	0.0138	0.0137	1.0020	0.9980
	Hoden	0.0000	0.1052	0.0000	undef
	Lunge	0.0087	0.0851	0.1024	9.7640
25	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0274	0.2820	0.0972	10.2887
	Niere	0.3448	0.4245	0.8123	1.2311
30	Pankreas	0.1268	0.0387	3.2814	0.3047
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
35	Uterus	0.0033	0.0427	0.0774	12.9263
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenn darm	0.0000			
40	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
45	Weisse_Blutkoerperchen	0.1958			
50	Entwicklung	0.0922			
	Gastrointestinal	0.0247			
	Gehirn	0.0000			
55	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0123			
	Lunge	0.0037			
60	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.1815			
65					
70	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
75	Foetal	0.0134			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
80	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
85	Nerven	0.0231			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0310			

FOETUS
%HaeufigkeitNORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

15 Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

20

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Brusttumorgewebe gefunden werden. Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen

5 Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

10 Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die 15 Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses 20 Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview"-Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

25 Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei 30 eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>). 35

40 Beispiel 5: Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klonen)

Die den differentiellen cDNAs entsprechenden genomischen Sequenzen wurden aus kommerziellen BAC-Bibliotheken isoliert. Verwendet wurden BAC-Bibliotheken von der 45 Firma Genome Systems, St. Louis MO, die aus humanen Lymphozyten hergestellt wurden (<http://www.genomesystems.com>) und solche der Firma Research Genetics, die wie folgt beschrieben wurden: Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797; <http://www.tree.caltech.edu/>. Aus diesen Bibliotheken wurden die BAC-Klone mit der 50 Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei diesem Verfahren wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom) in

verschiedene Gruppen (pools) kombiniert. Dies geschieht in einer solchen Weise, daß nach der Durchführung einer genspezifischen PCR in den verschiedenen Pools eine eindeutige Klon-Zuordnung möglich ist. Diese Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone

5 eindeutig fest.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne diese darauf zu beschränken.

10 Die verwendete Bibliotheken von Genome Systems waren CITB B und CITB C. Klone aus der Bibliothek von Genome Systems sind unterstrichen.

Brust Tumor

Seq. ID
Nr.

Identifizierte BACs

3	431/F/22	461/J/18	276/D/4	360/G/5	276/D/5
7	241/D/11				
9	<u>13/M/23</u>	<u>102/H/20</u>	<u>210/O/17</u>	<u>278/B/10</u>	<u>278/B/20</u>
10	<u>319/P/11</u>	<u>492/J/15</u>			
23	565/E/8				
25	<u>38/D/4</u>	<u>60/B/17</u>	<u>70/K/14</u>		
39	<u>425/C/18</u>				
42	221/L/9	407/M/9			
43	233/F/11	411/C/6	411/C/8	461/C/20	
45	557/D/15				
58	222/C/8	431/O/16			

TABELLE I

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
2	im Brusttumor überexprimiert	Ein 17-kDA Interferon-induziertes Gen über dessen Funktion nichts publiziert ist.	2x "UBIQUITIN_2"	670	1p36.31-p36.32	siSG29288 (D1S243- D1S468)
3	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich das humane Ortholog des 5E5-Antigens der Ratte, hierbei handelt es sich wahrscheinlich um einen Transkriptionsfaktor.		1845	19q13.2	SHGC- 11892 (SHGC- 5919- D19S1071)
4	im Brusttumor überexprimiert	Das humane "alpha-2-macroglobulin receptor-associated protein" gehört zu einem "Proteinase-Scavenging-System", das Proteinase-Aktivität abfängt.		1499	4p16.3	D4S412- D4S2925
5	im Brusttumor überexprimiert	Das humane "macrophage migration inhibition factor related protein 14 (MRP-14)" spielt wahrscheinlich eine Rolle bei der Immunmodulation.	"EF_HAND_2"	688	1q21.2-q21.3	WI-6071 (D1S305- D1S635)
6	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Lamin B2 (LAMB2) bildet u.a. die nukleäre Lamina, welche unterhalb der inneren Zellmembran des Zellkerns liegt. Sie spielt eine wichtige Rolle bei der Regulation der Kernstruktur während des Zellzyklus und der Transkription.		909	19p13.3	D19S886- D19S216

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
7	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich die regulatorische Untereinheit eines RNA-bindenden Proteins, über dessen Funktion noch nichts publiziert wurde.		930	1p36.23-p36.31	D1S253-D1S450
8	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Antioxidant Enzym AOE37-2, welches vermutlich eine Peroxidase darstellt (Peroxioredoxin-Familie). Diese schützen die Zelle vor oxidativen Prozessen.	"AhpC-TSA"	989	unbekannt	unbekannt
9	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		2017	8p12-p11.23	AFM023xc1 alias D8S255 (WI-7590-SHGC-5722)
11	im Brusttumor überexprimiert	Das humane "macrophage capping protein", neuerdings "CapG" genannt, reguliert über die Aktine die Zellbeweglichkeit.	"Gelsolin"	1365	2p11.2-2p12	D2S289-D2S388
12	im Brusttumor überexprimiert	Ein Östrogen-induzierbares Gen (LIV-1), dessen Funktion noch nicht verstanden ist.		1597	18q12.2-q12.3	WI-14709
13	im Brusttumor überexprimiert	Die humane "integrin-linked kinase (ILK)" steuert den Zusammenbau der Fibrinectin-Matrix und hemmt die Synthese von E-Cadherin. ILK-überexprimierende Zellen erzeugen Tumoren in Nacktmäusen.	3x "ank"; 2x "pkinese"	1780	11p15.3-15.5	D11S1318-D11S1338

Seq.-ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
14	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt, humanes HISTONE H2B2	"histone"; "Arch_histone"	892	6p21.2-p22.3	D6276- D6S439
15	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich das humane Ortholog des Enhancers des Drosophila "rudimentary"-Gens ("human enhancer of rudimentary homolog"); es spielt möglicherweise eine Rolle im Pyrimidin-Stoffwechsel.	"ER"	992	14q22.3-q24.1	D14S63- D14S251 (SHGC- 33845- SHGC- 36869)
16	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Tim23 ist im Proteintranslokase-Komplex der inneren mitochondrialen Membran lokalisiert.		1196	10p15.1-q11.23	siSG1413 ;D10S604- D10S220
17	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich ein neues Ca2+-bindendes Protein.	"S_100"	1105	unbekannt	unbekannt
18	im Brusttumor überexprimiert	Ein neues humanes Gen mit Ähnlichkeit zu Maus "synaptosomal associated protein".		2006	7p12.1	D7S499- D7S2429
19	im Brusttumor überexprimiert	Das humane ITF ("intestinal trefoil factor").	"trefoil"	834	21q22.3	D21S1887 (D21S1259- D21S1260)
20	im Brusttumor überexprimiert	Der humane RNA polymerase II Transkriptionsfaktor.	"UBIQUITIN_2"	765	unbekannt	unbekannt
21	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		779	unbekannt	unbekannt
22	im Brusttumor überexprimiert	Die humane JAK1 Tyrosinkinase.	"pkinase"	2327	1p31.1-p32.1	T29761 (D1S203- D1S2865)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
23	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		9114p11		SHGC4-959 (D4S774- SHGC4- 1002)
24	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		595	unbekannt	unbekannt
25	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		886	18q23	SHGC- 30832 (SHGC- 32075- SHGC- 17251)
27	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		1684	21q21.3-q22.12	A006Y36 (D21S260- D21S261)
29	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Ribonuklease 6- Vorläufer-Molekül.	"ribonuclease_T2"	1249	6q26-q27	D6S264- D6S1697
30	im Brusttumor überexprimiert	Das humane 80K-L Protein (auch MARCKS) , ein Substrat der Protein-Kinase C. MARCKS bindet Calmodulin, Actin und Synapsin.		3070	6q21	SHGC- 13147 (SHGC- 31123- AFM059xh8)
31	im Brusttumor überexprimiert	Das humane BCL-X, ein Apoptosis- Regulator.		2751	1p21.1	SHGC- 32538; D1S2865- D1S418

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
33	im Brusttumor überexprimiert	Der humane Benzodiazepin-Rezeptor.		890	22q13.33	PC106 (SHGC-7735-PH130)
35	im Brusttumor überexprimiert	Die humane Ubiquitin Oxidoreduktase.		693	5p13.1-q11.2	sts-H45672 (D5S628-D5S474)
36	im Brusttumor überexprimiert	Eine neue ATPase, welche zur Familie der Kinesine gehört.		1054	unbekannt	unbekannt
37	im Brusttumor überexprimiert	Der Monocyte/Macrophagen "Ig-related receptor MIR-7".		541	12q14.2-q14.3	SHGC-33073 (SHGC-35867-D12S1722)
38	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		1187	unbekannt	unbekannt
39	im Brusttumor überexprimiert	Eine neue putative Serin-/Threoninkinase.	"pkinase"; "pkinase C"	2281	6q22.33	WI-13202
40	im Brusttumor überexprimiert	Das putative Kupfer-Aufnahme Protein hCTR2.		1759	9q31.3-q32	WI-11879
41	im Brusttumor überexprimiert	Die humane Alpha Galaktosidase A.		1447	Xq22.2-q23	DXS1231-DXS1059
42	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		831	1q32.1-1q32.2	AFMa082wf 9 (SHGC-12033-AFM224xc1)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
43	im Brusttumor überexprimiert	Diese neue Sequenz hat eine gewisse Homologie zur Benzoat-Coenzym A Ligase.		528	17q21.33	SHGC-31935 (NIB1385-SHGC-30378)
44	im Brusttumor überexprimiert	7TM-Protein		1027	22q13.33	AFMb040xd1 (SHGC-11380-AFMa151xe9)
45	im Brusttumor überexprimiert	Die humane Phosphatase 2A B56 (PP2A).		2160	1q32.2-q32.3	WI-7329 (AFM203zb6-AFM156xg7)
46	im Brusttumor überexprimiert	HUMANES Homologes zu einem Maus co-Chaperonin; Hs.24930; Homo sapiens cofactor A protein mRNA		642	unbekannt	unbekannt
47	im Brusttumor überexprimiert	Homolog zu einem imprinted Gen von Chromosom 11; Hs.110222		1415	1q32.1	sis-F17262 (D1S2622-D1S306)
48	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich das humane Ortholog einer ATP-abhängigen RNA-Helicase.	"HELICASE"	2949	10q26.11	AFM200yh6 (SHGC-13473-AFMb021zd1)
49	im Brusttumor überexprimiert	Kopplungsfaktor F6 ist eine Komponente der mitochondrialen ATP-Synthase, welcher für die Interaktion des katalytischen und protonenübertragenden Segments erforderlich ist; Hs.73851		665	unbekannt	unbekannt

Seq.- ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
50	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		904	5p15.31-15.33	D5S426- D5S455
51	im Brusttumor überexprimiert	neue humane ATPase		1239	9q32	ATC7 (SHGC- 8827- SHGC- 14379)
52	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt; Hs.10927		966	19p13.3-p13.2	stSG8216 (pTEL- D19S413)
53	im Brusttumor überexprimiert	Homologes zum NAG-2 Gen; Hs.26518	"transmembrane4"	556	11p15.3-p15.5	sts-W47645 (D11S1318- D11S909)
54	im Brusttumor überexprimiert	Arginin Methyltransferase; Hs.20521	"SAM_BIND"	1349	19q13.13- q13.33	D66904 (D19S425- D19S418)
55	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt; Hs.5241		2021	17q11.2-17q12	sts-F18808 (D17S933- D17S800)
56	im Brusttumor überexprimiert	Stromelysin	"hemopexin"	900	22q11.23-q12.1	D22S446- D22S419 (SHGC- 2886- SHGC- 33862)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
57	im Brusttumor überexprimiert	humanes GTP bindendes Protein		1212	Yp11.3 bzw. Xp22.33-xp22.32	SHGC-5419 alias DXYS153 (DYS290-DXYS136)
58	im Brusttumor überexprimiert	Homologes zu Prostata bindendem Protein, Untereinheit C-1	"Uteroglobin"	494	11p11.2-q13.1	GATA8A08-SHGC-31731
59	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt	"Ribosomal_L21p"	729	12q14.1	D12S335
61	im Brusttumor überexprimiert	Glucose-6-phosphate dehydrogenase Homolog	2x "IMPDH"	1315	14q11.1-q11.2	SHGC-11217 (SHGC-31972-AFM084ya1)
62	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt	"NLS_BP"	2011	16q12.1	SHGC-34581 (D16S3363 E-D16S3334)
63	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		2009	1p21.1	SHGC-32788
64	im Brusttumor überexprimiert	Ets Transkriptionsfaktor	"Ets"	2269	1q32.2	unbekannt
65	im Brusttumor überexprimiert	IL13 Rezeptor alpha-1 Kette		1874	Xq23	SHGC-37555

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
66	im Brusttumor überexprimiert	Inhibition der Zellteilung und der Makrophagen Aktivität. Protein- Kinasen Inhibitor		687	1q21.2-q21.3	D1S305- D1S2635
67	im Brusttumor überexprimiert	möglicherweise eine Dehydrogenase		1528	unbekannt	unbekannt
149	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 4		1624	4p16.3	D4S412- D4S2925
150	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 9		1756	8p12-p11.23	AFM023xc1 alias D8S255 (WI-7590- SHGC- 5722)
151	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 25		1638	18q23	SHGC- 30832 (SHGC- 32075- SHGC- 17251)
152	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 27		2589	21q21.3-q22.12	A006Y36 (D21S260- D21S261)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
153	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 44		2963	22q13.33	AFMb040xd 1(SHGC- 11380- AFMa151xe 9)
154	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 45		3234	1q32.2-q32.3	WI-7329 (AFM203zb 6- AFM156xg7)
155	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 48		3080	10q26.11	AFM200yh6 (SHGC- 13473- AFMb021zd 1)
156	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 50		2407	5p15.31-15.33	D5S426- D5S455
157	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 51		1625	9q32	ATC7 (SHGC- 8827- SHGC- 14379)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
158	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 53		1402	11p15.3-p15.5	sts-W47645 (D11S1318- D11S909)
159	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 62		2159	16q12.1	SHGC- 34581 (D16S3363 E- D16S3334)
160	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 63		2795	1p21.1	SHGC- 32788
161	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 67		1711	unbekannt	unbekannt
201	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Osteopontin.	"Osteopontin"	1712	4q21.23-q22.1	D4S1542
202	im Brusttumor überexprimiert	Proteoglycan		1610	2p23.1-23.2	D2S387 (D2S171- D2S320)

TABELLE II

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (ORF's) Seq. ID. No				
3	71				
9	72	73	74	75	76
14	77				
16	78				
17	79				
18	81				
19	82				
20	83				
21	84	85	86	87	
23	88	89			
24	90				
25	91				
27	92	93			
29	94				
31	95	96	97	98	
33	99	100			
35	101				
36	102				
38	103				
39	104				
40	105				
41	106				
42	107				
43	108	109	110		
44	111	112	113		
46	114				
47	115	116			
48	117				
49	118	119			
50	120				
51	121				
52	123				
53	126				
54	128				
55	129	130	131	132	133
56	134	135			
57	136				
58	137				
59	138	139			
61	140				
62	141				
63	142	143	144		
64	145				
66	146				
67	147				
149	162	163	164		

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (ORF's) Seq. ID. No
150	165 166 167
151	168
152	172
153	174
154	177 178 179
155	180
156	183 184 185
157	187
158	190
159	192 193 194
160	195 196 197
161	198

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No 71-148, 162-200 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1672
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1671

- (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Brusttumorgewebe

- (iii) Anzahl der Sequenzen: 143

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 670 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2 :

```

atagggccgg tgctgcctgc ggaagccggc ggctgagagg cagcgaactc atctttgcca 60
gtacaggagc tcgtgccgtg gccacagcc cacagcccac agccatgggc tgggacctga 120
cggatgaagat gctggcgggc aacgaattcc aggtgtccct gagcagctcc atgtcgggtg 180
cagagctgaa ggcgcagatc acccagaaga tcggcggtgca cgccttccag cagcgtctgg 240
ctgtccaccc gagcgggtgtg gcgctgcagg acaggggtccc ccttgccagc cagggcctgg 300
gccccggcag cacggtcctg ctggtggtgg acaaatgcga cgaacctctg agcatcctgg 360
tgaggaataa caagggccgc agcagcacct acgaggtgcg gctgacgcag accgtggccc 420
acctgaagca gcaagtgagc gggctggagg gtgtgcagga cgacctgttc tggctgacct 480
tcgaggggaa gccctggag gaccagctcc cgctggggga gtacggcctc aagcccctga 540
gcaccgtgtt catgaatctg cgcctgcggg gaggcggcac agagcctggc gggcggagct 600
aagggcctcc accagcatcc gagcaggatc aagggccgga aataaaggct gttgtaaaga 660
gaaaaaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1845 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

```

gggtgccgtca cgggacagag cagtcggtga caggacagag cagtcggtga cgggacacag 60
tggttggtga cgggacagag cggtcggtga cagcctcaag ggcttcagca ccgcgcccac 120
ggcagagcca gaccgactca gattcagact ctgagggagg agccgctggt ggagaagcag 180
acatggactt cctgcggaac ttattctccc agacgctcag cctgggcagc cagaaggagc 240
gtctgctgga cgagctgacc ttggaagggg tggcccggta catgcagagc gaacgctgtc 300
gcagagtcac ctgtttggtg ggagctggaa tctccacatc cgcaggcatc cccgactttc 360
gctctccatc caccggcctc tatgacaacc tagagaagta ccatcttccc tacocagagg 420
ccatctttga gatcagctat ttcaagaaac atccggaacc cttcttcgcc ctgcgaagg 480
aactctatcc tgggcagttc aagccaacca tctgtcacta cttcatgcgc ctgctgaagg 540
acaaggggct actcctgcgc tgctacacgc agaacataga taccctggag cgaatagccg 600
ggctggaaca ggaggacttg gtggaggcgc acggcacctt ctacacatca cactgcgtca 660

```

```

ggccaagtgc cggcacgaat acccgctaag ctggatgaaa gagaagatct tctctgaggt 720
gacgccaag tgtgaagact gtcagagcct ggtgaagcct gatatcgtct tttttggtga 780
gagcctccca gcgcgtttct tctcctgtat gcagtcagac ttcctgaagg tggacctcct 840
cctggtcatg ggtacctcct tgcaggtgca gccctttgcc tccctcatca gcaaggcacc 900
cctctccacc cctcgccctgc tcatcaacaa ggagaaagct ggccagtcgg accctttcct 960
ggggatgatt atgggcctcg gaggagggcat ggactttgac tccaagaagg cctacagga1020
cgtggcctgg ctgggtgaat gcgaccaggg ctgcctggcc cttgctgagc tccttggatg1080
gaagaaggag ctggaggacc ttgtccggag ggagcacgcc agcatagatg cccagtcggg1140
ggcgggggtc cccaacccca gcacttcagc tcccccaag aagtccccgc cacctgccaal200
ggacgaggcc aggacaacag agagggagaa accccagtga cagctgcac tcccaggcg1260
gatgccgagc tcctcagggg cagctgagcc ccaaccgggc ctggccccct cttaccagc1320
agttcttgct tggggagctc agaacatccc ccaatctctt acagctccct cccaaaact1380
ggggtcccag caaccctggc ccccaacccc agcaaattct taacacctcc tagaggccaal440
ggcttaacaa ggcattctta ccagccccac tgtctctaac cactcctggg ctaaggagta1500
acctccctca tctctaactg cccccacggg gccagggcta cccagaact tttaactctt1560
ccaggacagg gagcttcggg cccccactct gtctcctgcc cccggggggc tgtggctaag1620
taaaccatac ctaacctacc ccagtgtggg tgtgggcctc tgaatctaac ccacaccag1680
cgtaggggga gtctgagccg ggagggctcc cgagtctctg ccttcagctc ccaaagtggg1740
tgggtgggcc ccttcacgtg ggaccactt cccatgctgg atgggcagaa gacattgctt1800
attggagaca aattaaaaac aaaaacaact aacaaaaaaa aaaaa

```

1845

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1499 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

```

cggctcgagg gcgccgcgga gggtcaggtc gtttctgcgc gggctcccgg cgctgctact 60
gctgctgctc ttctcgggc cctggccgc tgcgagccac ggcggaagt actcgcgga 120
gaagaaccag cccaagccgt cccgaaacg cgagtcgga gaggagttcc gcatggagaa 180
gttgaaccag ctgtgggaga aggccagcg actgcatctt cctcccgta ggctggccga 240
gctccacgct gatctgaaga tacaggagag ggacgaactc gcctggaaga aactaaagct 300
tgacggcttg gacgaagatg gggagaagga agcgagactc atacgcaacc tcaatgtcat 360
cttgccaag tatggtctgg acggaagaa ggacgctcgg caggtgacca gcaactccct 420

```

```

cagtggcacc caggaagacg ggctggatga ccccaggctg gaaaagctgt ggcacaaggc 480
gaagacctct gggaaattct ccggcgaaga actggacaag ctctggcggg agttcctgca 540
tcacaaagag aaagttcacg agtacaacgt cctgctggag accctgagca ggaccgaaga 600
aatccacgag aacgtcatta gcccctcgga cctgagcgac atcaagggca gcgtcctgca 660
cagcaggcac acggagctga aggagaagct gcgcagattc aaccagggcc tggaccgcct 720
gcgcagggtc agccaccagg gctacagcac tgaggctgag ttcgaggagc ccagggtgat 780
tgacctgtgg gacctggcgc agtccgccaa cctcacggac aaggagctgg aggcgttccg 840
ggaggagctc aagcacttcg aagccaaaat cgagaagcac aaccactacc agaagcagct 900
ggagattgcg cacgagaagc tgaggcacgc agagagcgtg ggcgacggcg agcgtgtgag 960
ccgcagccgc gagaagcacg ccctgctgga ggggcggacc aaggagctgg gctacacgggt1020
gaagaagcat ctgcaggacc tgtccggcag gatctccaga gctcggcaca acgaactctg1080
aaggcattgg ggagcccagc ccggcagggc agaggccagc gtgaaggacc tgggctcttg1140
gccgtggcat ttccgtggac agcccgccgt cagggtggct ggggctggca cgggtgtcga1200
ggcaggaagg attgtttctg gtgactgcag ccgctgccgt cgcgacacag ggcttgggtgg1260
tggtagcatt tgggtctgag atcggcccag ctctgactga aggggcttgg cttccactca1320
gcatcagcgt ggcagtcacc accccagtga ggacctgat gtccagctgc tgtcaggtct1380
gatagtcctc tgctaaaaca acacgattta cataaaaaat cttacacatc tgccaccgga1440
aataccatgc acagagtctc taaaaaatag agtgcagtat ttaaaccaaa aaaaaaaaaa 1499

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 688 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5 :

```

gggccaagtg cccagctcag gagctgccta taaatgccga gcctgcacag ctctggcaaa 60
cactctgtgg ggctcctcgg ctttgacaga gtgcaagacg atgacttgca aaatgtcgca 120
gctggaacgc aacatagaga ccatcatcaa caccttcac caatactctg tgaagctggg 180
gcacccagac accctgaacc agggggaatt caaagagctg gtgcgaaaag atctgcaaaa 240
ttttctcaag aaggagaata agaatgaaaa ggtcatagaa cacatcatgg aggacctgga 300
caciaaatgca gacaagcagc tgagcttcga ggagtcatc atgctgatgg cgaggctaac 360
ctgggcctcc cagcagaaga tgcacgaggg tgacgagggc cctggccacc accataagcc 420
aggcctcggg gagggcacc cctaagacca cagtggccaa gatcacagtg gccacggcca 480
cgggccacagt catggtggcc acggccacag ccactaatca ggaggccagg ccacctgccc 540

```

```
tctacccaac cagggccccc gggcctgtta tgtcaaactg tcttggctgt ggggctaggg 600
gctggggcca aataaagtct cttcctccaa gtcagtgtct tgtgtgcttc ttccagctcc 660
tgttcaacac tgcctttcca ggggtgtg 688
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 909 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:6 :

```
tcgagccgca ttcgaccaga agtcggcgca cgcggcctcg gtccggttga ctttgcggac 60
catggagggc ggcttcggct ccgatttcgg gggctccggc agcgggaagc tggacccagg 120
gctcataatg gagcaggtga aagtgcagat cgccgtggcc aacgcgcagg agctgctgca 180
gaggatgacg gacaagtgtt tccggaagtg tatagggaaa cctgggggct ccctggacaa 240
ctccgagcag aagtgcacg ccatgtgcat ggaccgctac atggacgcct ggaacaccgt 300
gtctcgcgcc tacaactcgc ggctgcagcg ggaacgagcc aacatgtgac cggcgagcgc 360
gggccacccc accctgttca tttccataaa cgtgctttga gaggcggggg ccgcatgtac 420
gtactgcctg cccgggggctt aggaggggtg caccgggtgct gggacacacg ggactgtgtc 480
ctcgccaccc cccgccctgc cccctgccag ccagtgcagc ttggatctcg ggggtgtggg 540
gccctgtgcc ttcctgaagt gctggcagcc cagtggcacc tccttcaggc ctttggggta 600
ttcccctagt gtgccaagt cagcctcata ttctgggcgg acagcttgct tggacttcgg 660
agtggggggg ggtcagacac cacaggagct gtcacctcct gcggatgggc aaataaattg 720
gtggaggacg gaaagaaacc tctttatttc cctcctgagg ggtctctctc tgggaagagg 780
tgacgcgtgt ccctggaacc ccagctcgga gggctctcag cccccctggg ttgggagaa 840
tccatctttc cccttagtgc caccgggctg ctgagtcacg aggaatgtgt tgctgctgcc 900
acccctgcc 909
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 930 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

```

tgaggccaag gcggcgtgag tctgcgcagt gtggggctga gggaggccgg acggcgcgcg 60
tgctgtctgg cgtgcgttca ctttcagcct ggtgtggggc ttgtaaacat ataacataaa 120
aatggcttcc aaaagagctc tgggtcatcct ggctaaagga gcagaggaaa tggagacggt 180
catccctgta gatgtcatga ggcgagctgg gattaaggct accgttgacg gcctggctgg 240
aaaagaccca gtacagtgtg gccgtgatgt ggtcatttgt cctgatgccg gccttgaaga 300
tgcaaaaaaa gagggaccat atgatgtggt ggttctacca ggaggtaatc tgggcgcaca 360
gaatttatct gagtctgctg ctgtgaagga gatactgaag gagcaggaaa accggaaggg 420
cctgatagcc gccatctgtg caggctctac tgctctgttg gctcatgaaa taggttttgg 480
aagtaaagtt acaacacacc ctcttgctaa agacaaaatg atgaatggag gtcattacac 540
ctactctgag aatcgtgttg aaaaagacgg cctgattctt acaagccggg ggcctgggac 600
cagcttcgag tttgcgcttg caattgttga agcctgaat ggcaaggagg tggcggtca 660
agtgaaggct ccacttgctt ttaaagacta gagcagcgaa ctgacgacat cacttagaga 720
aacaggccgt taggaatcca ttctcactgt gttcgctcta aacaaaacag tggtaggtta 780
atgtgttcag aagtcgctgt ccttactact tttgcggaag tatggaagtc acaactacac 840
agagatttct cagcctacaa attgtgtcta tacatttcta agccttgttt gcagaataaa 900
cagggcattt agcaaaactaa aaaaaaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 989 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

```

cgcgcgggcg tcgtgcacgc ggttgtagct gcccgcgggc ggcagaagcg gcgctcgcgc 60
caagggacgt gtttctgcgc tcgcgtgggc atggaggcgc tgccgctgct agccgcgaca 120
actccggacc acggccgcca ccgaaggctg cttctgctgc cgctactgct gttcctgctg 180
ccggctggag ctgtgcaggg ctgggagaca gaggagaggc cccggactcg cgaagaggag 240
tgccacttct acgcgggtgg acaagtgtac ccgggagagg catcccgggt atcggtcgcc 300
gaccactccc tgcacctaag caaagcgaag atttccaagc cagcgcccta ctgggaagga 360
acagctgtga tcgatggaga atttaaggag ctgaagttaa ctgattatcg tgggaaatac 420
ttggttttct tcttctaccc acttgatttc acatttgtgt gtccaactga aattatcgct 480
tttggcgaca gacttgaaga attcagatct ataaatactg aagtggtagc atgctctggt 540
gattcacagt ttaccattt ggcttgatt aatacccctc gaagacaagg aggacttggg 600
ccaataagga ttccatttct ttcagatttg acccatcaga tctcaaagga ctatggtgta 660
tacctagagg actcaggcca cactcttaga ggtctcttca ttattgatga caaaggaatc 720
ctaagacaaa ttactctgaa tgatcttctt gtgggtagat cagtggatga gacactacgt 780
ttggttcaag cattccagta cactgacaaa cacggagaag tctgccctgc tggctggaaa 840
cctggtagtg aaacaataat ccagatcca gctggaaagc tgaagtattt cgataaactg 900
aattgagaaa tacttcttca agttatgatg cttgaaagtt ctcaataaag ttcacgggtt 960
cattacaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2017 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

```

aagcaacctc gtttatgtct tatctttgca ttttcctgta ttcagctatt ttcttaaagg 60
aaggcccgagg tctgtattat cctactgcca cataggaagt aaaatgagta ctcacagcct 120
tgcgccaat cactgaacac agcttttagt aatgttttac acaagaacag gatattggca 180
actcaactgt taagcctttc tgtgattatt cttccttgag atcactctga tgtcaccagt 240
gtaatttgag cctggagcct ttgttcacac tttaaatagc agtcccagaa tgatttcact 300
acagactctc tggaaaagcct gggagctgaa ttccggaaga tccccacatc gatgaaagca 360
aagcgaagca ccaagccatc atcatgtcca cgctcgctacg agtcagccca tccatccatg 420
gctaccactt cgacacagcc tctcgtaaaga aagccgtggg caacatcttt gaaaacacag 480
accaagaatc actagaaagg ctcttcagaa actctggaga caagaaagca gaggagagag 540
ccaagatcat ttttgccata gatcaagatg tggaggagaa aacgcgtgcc ctgatggcct 600
tgaagaagag gacaaaagac aagcttttcc agtttctgaa actgcggaaa tattccatca 660
aagttcactg aagagaagag gatggataag gacgttatcc aagaatggac attcaaagac 720
caagtgaagt tgtgagattc taacagatgc agcattttgc tgctacctta caagcttctc 780
ttctgtcagg actccagagg ctggaaaagg accgggactg gaaagggacc aggactgaac 840
agactggtta caaagactcc aaacaatttc atgccctgtg ctgttacaga ggagaacaaa 900
atgctttcag caaggatttg aaaactcttc cgtccctgca ggaaaggatt gatgctgata 960
gaagagcctg gacagatgta atgagaacta aagaaaaacag atggctggag atgacattta1020
tccagggcca ctttgtcagg ccctaggact taaatcgaag ttgaactttt ttttttttt1080
aaccaaatag ataggggagg ggaggaggga gaggaggagc agggagagaa aataccatgc1140
ataaattggt tactgaattt ttatatctga gtgttcaaaa tatttccaag cctgagtatt1200
gtctattggt atagattttt agaaatcaat aattgattat ttatttgcac ttattacaat1260
gcctgaaaaa gtgcaccaca tggatgttaa gtagaaattc aagaaagtaa gatgtcttca1320
gcaactcagt aaaaccttac gccacctttt ggtttgtaaa aggtttttta tacatttca1380
acaggttgca caaaagttaa aataatgggg tcttttataa atccaaagta ctgtgaaaac1440
attttacata tttttaaat cttctgacta atgctaaaac gtaatctaata taaatttcat1500
acagttactg cagtaagcat taggaagtga atatgatata caaaatagtt tataaagact1560
ctatagtttc tataatttat tttactggca aatgtcatgc aacaataata aattattgtal620
aactttgtgg cttttggtct gtgatgcttg gtctcaaagg aaaaaataag atggtaaagt1680
ttgatattta caaacttttc taaagatgtg tctctaacia taaaagttaa ttttagagta1740
gttttatatt aattaccaa ctttttcaaa acaaattctt acgtcaaata tctgggaagt1800
ttctctgtcc caatcttaaa atataaaata tagatataga agttcataga ttgactcctt1860
ggcattttcta tttatgtatc cattaaggat gagttttaaa aggccttctc ttcatacttt1920
tgaaaaatct cttctatgat tacagtagct atgtacatgt gtacatctat ttttcccaag1980
caatatgttt tgggtttaga gtctgagtga tgaccaa

```

2017

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1365 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

```

ggggcaggct gagacagcgc ccagaacctc ggagcaaggc gttggcagat ctgaagacag 60
catgtacaca gccattcccc agagtggctc tccattccca ggctcagtgc aggatccagg 120
cctgcatgtg tggcgggtgg agaagctgaa gccggtgcct gtggcgcaag agaaccaggg 180
cgtcttcttc tcgggggact cctacctagt gctgcacaat ggcccagaag aggtttccca 240
tctgcacctg tggataggcc agcagtcata ccgggatgag cagggggcct gtgccgtgct 300
ggctgtgcac ctcaacacgc tgctgggaga gcggcctgtg cagcaccgcg aggtgagggc 360
aatgagtctg acctcttcat gagctacttc ccacggggcc tcaagtacca ggaagggtgt 420
gtggagtcag catttcacaa gacctccaca ggagccccag ctgccatcaa gaaactctac 480
caggtgaagg ggaagaagaa catccgtgcc accgagcggg cactgaactg ggacagcttc 540
aacactgggg actgcttcat cctggacctg ggccagaaca tcttcgcctg gtgtggtgga 600
aagtccaaca tcctggaacg caacaaggcg agggacctgg ccctggccat ccgggacagt 660
gagcgacagg gcaaggccca ggtggagatt gtcactgatg gggaggagcc tgctgagatg 720
atccagggtcc tgggccccaa gcctgctctg aaggagggca accctgagga agacctcaca 780
gctgacaagg caaatgcccc ggccgcagct ctgtataagg tctctgatgc cactggacag 840
atgaacctga ccaagggtggc tgactccagc ccatttgccc ttgaactgct gatattctgat 900
gactgctttg tgctggacaa cgggctctgt ggcaagatct atatctggaa ggggcgaaaa 960
gcgaatgaga aggagcggca ggcagccctg caggtggccg agggcttcat ctgcgcgatg 1020
cagtacgccc cgaacactca ggtggagatt ctgcctcagg gccgtgagag tcccatcttc 1080
aagcaatttt tcaaggactg gaaatgaggg tgggcgtctt cctgccccat gctccccctgc 1140
ccccaccac ctgcctgctt gcttctcttg ctgcctggtc agtgcagagg tgccccctgc 1200
agatgttcaa taaaggagac aagtgttttc ccagctcttt tcctgcaaaa cctgccctgg 1260
gctgattctc actgtcacc acctattcac ctgggttcat ccccatgctg ggggtggagt 1320
agcacacaga tgacaattgg acagccttgg aggggccaga gctgc 1365

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1597 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

```

accaatggcc aggccatcgc tgaagatgc cggcgtcgcc actctggcct ggatgggtgat 60
aatgggtgat ggcctgcaca atttcagcga tggcctagca attggtgctg cttttactga 120
aggcttatca agtgggtttaa gtacttctgt tgctgtgttc tgcatgagt tgcctcatga 180
attaggtgac tttgctgttc tactaaaggc tggcatgacc gttaagcagg ctgtccttta 240
taatgcattg tcagccatgc tggcgtatct tggaaatggca acaggaattt tcattgggtca 300
ttatgctgaa aatgttttcta tgtggatatt tgcacttact gctggcttat tcatgtatgt 360
tgctctggtt gatatggtac ctgaaatgct gcacaatgat gctagtgacc atggatgtag 420
ccgctggggg tatttctttt tacagaatgc tgggatgctt ttgggttttg gaattatgtt 480
acttatttcc atatttgaac ataaaatcgt gtttcgtata aatttctagt taaggtttaa 540
atgctagagt agcttaaaaa gttgtcatag tttcagtagg tcatagggag atgagtttgt 600
atgctgtact atgcagcgtt taaagttagt ggggttttgt atttttgtat tgaatattgc 660
tgtctgttac aaagtcagtt aaaggtacgt tttaatatct aagttattct atcttgagga 720
taaaatctgt atgtgcaatt caccggtatt accagtttat tatgtaaaca agagatttgg 780
catgacatgt tctgtatgtt tcagggaaaa atgtctttaa tgctttttca agaactaaca 840
cagttattcc tatactggat tttaggtctc tgaagaactg ctggtgttta ggaataagaa 900
tgtgcatgaa gcctaaaata ccaagaaagc ttatactgaa tttaagcaaa gaaataaagg 960
agaaaagaga agaactctgag aattggggag gcatagattc ttataaaaaat cacaaaattt1020
gttgtaaatt agaggggaga aatttagaat taagtataaa aaggcagaat tagtatagag1080
tacattcatt aaacattttt gtcaggatta tttcccgtaa aaacgtagtg aggcactttt1140
catatactaa tttagttgta catttaactt tgtataatac agaaatctaa atatatttaa1200
tgaattcaag caatatatca cttgaccaag aaattggaat ttcaaaatgt tcgtgcgggg1260
atataccaga tgagtacagt gagtagtttt atgtatcacc agactgggtt attgccaaat1320
tatatatcac caaaagctgt atgactggat gttctgggta cctgggttac aaaattatca1380
gagtagtaaa actttgatat atatgaggat attaaaacta cactaagtat catttgattc1440
gattcagaaa gtactttgat atctctcagt gcttcagtg c tactatttg agcaattgtc1500
ttttatatac ggtactgtag ccatactagg cctgtctgtg gcattctcta gatgtttctt1560
ttttacacaa taaattcctt atatcagctt gaaaaaa

```

1597

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1780 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

```

cgggcgccgc cggacggtag ttccccggag aaggatcctg cagccccgagt cccgaggata 60
aagcttgggg ttcacccctc ttccctggag cccgagtccc gtcctcaggc ttccccaatc 120
caggggactc ggcgccggga cgctgctatg gacgacattt tcactcagtg ccggggaggc 180
aacgcagtcg ccgttcgcct gtggctggac aacacggaga acgacctcaa ccagggggac 240
gatcatggct tctccccctt gcaactggcc tgccgagagg gccgctctgc tgtggttgag 300
atgttgatca tgcggggggc acggatcaat gtaatgaacc gtggggatga cccccctg 360
catctggcag ccagtcagtg acaccgtgat attgtacaga agctattgca gtacaaggca 420
gacatcaatg cagtgaatga acacgggaat gtgcccctgc actatgcctg tttttggggc 480
caagatcaag tggcagagga cctggtggca aatggggccc ttgtcagcat ctgtaacaag 540
tatggagaga tgcctgtgga caaagccaag gcacccctga gagagcttct ccgagagcgg 600
gcagagaaga tgggccagaa tctcaaccgt attccataca aggacacatt ctggaagggg 660
accacccgca ctcgcccccg aaatggaacc ctgaacaaac actctggcat tgacttcaaa 720
cagcttaact tcctgacgaa gctcaacgag aatcactctg gagagctatg gaagggccgc 780
tggcagggca atgacattgt cgtgaagggt ctgaagggtc gagactggag tacaaggaa 840
agcagggact tcaatgaaga gtgtccccgg ctcaggattt tctcgcatcc aaatgtgctc 900
ccagtgttag gtgcctgcca gtctccacct gctcctcatc ctactctcat cacacactgg 960
atgccgtatg gatccctcta caatgtacta catgaaggca ccaatttcgt cgtggaccag 1020
agccaggctg tgaagtttgc tttggacatg gcaaggggca tggccttctc acacacacta 1080
gagcccctca tcccacgaca tgcaactcaat agccgtagtg taatgattga tgaggacatg 1140
actgcccga ttagcatggc tgatgtcaag ttctctttcc aatgtcctgg tcgcatgtat 1200
gcacctgcct gggtagcccc cgaagctctg cagaagaagc ctgaagacac aaacagacgc 1260
tcagcagaca tgtggagttt tgcagtgttt ctgtgggaac tgggtgacacg ggaggtacct 1320
tttgctgacc tctccaatat ggagattgga atgaagggtg cattggaagg ccttgggcta 1380
ccatcccacc aggtatttcc cctcatgtgt gtaagctcat gaagatctgc atgaatgaag 1440
accctgcaaa gcgacccaaa tttgacatga ttgtgcctat ccttgagaag atgcaggaca 1500
agtaggactg gaaggctcct gcctgaactc cagagggtgc gggacatggt tgggggaatg 1560
cacctcccca aagcagcagg cctctggttg cctccccgcg ctccagtcag ggtactacct 1620
cagccatggg gtccatcccc tcccccatc cctaccactg tggccccaag aggggcgggc 1680
tcagagcttt gtcacttgcc acatggtgtc tcccaacatg ggagggatca gcccgcctg 1740
tcacaataaa gtttattatg aaaacaaaaa aaaggtgtgg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 892 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

```

aacgactcct ggtaccttgc tcccattact tcccgttttc tcgatctgct gctcgtctca 60
ggctcgtagt tcgccttcaa catgccgaa ccagcgaagt ccgctcccgc gccaagaag 120
ggctcgaaga aagccgtgac taaggcgag aagaaggacg gcaagaagcg caaggcagcc 180
gcaaggagag ctactccgta tacgtgtaca aggtgctgaa gcagggtccac cccgacaccg 240
gcatctcttc taaggccatg ggaatcatga actccttcgt caacgacatc ttgaaacgca 300
tcgcgggtga ggcttcccgc ctggcgcatc acaacaagcg ctgaccatc acctccaggg 360
agatccagac ggccgtgagc ctgctgctgc ccggggagtt ggccaagcac gccgtgtccg 420
agggcaccaa ggccgtcacc aagtacacca gcgctaagta aacttgccaa ggagggactt 480
tctctggaat ttctgatat gaccaagaaa gcttcttata aaaagaagca caattgcctt 540
cggttacctc attatctact gcagaaaaga agacgagaat gcaaccatac ctgatggag 600
ttttccacaa gctaaagctg gcctcttgat ctcatcaga ttccaaagag aatcatttac 660
aagttaattt ctgtctcctt ggtccattcc ttctctctaa taatcattta ctgttcctca 720
aagaattgtc tacattaccc atctcctctt ttgcctctga gaaagagtat ataagcttct 780
gtaaccactt ggggggttgg ggtaatatc tgtggtcctc agccctgtac cttataaat 840
ttgtatgcct ttctctctaa aaaaaaaaaa gagggaagaa ggaagaggat gc 892

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 992 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

```

ctctcgcgag gattggctgt tagcggcggtt gtagttaagc tcgtgtaacg gcggcggtgt 60
cggcagctgc ttagcgaag agagtttggc gcgatgtctc acaccatttt gctggtagac 120

```

```

cctaccaaga ggccagaagg cagaacttat gctgactacg aatctgtgaa tgaatgcatg 180
gaagggtgtt gtaaaatgta tgaagaacat ctgaaaagaa tgaatcccaa cagtccctct 240
atcacatatg acatcagtcg gttgtttgat ttcacgatg atctggcaga cctcagctgc 300
ctggtttacc gagctgatac ccagacatac cagccttata acaaagactg gattaaagag 360
aagatctacg tgctccttcg tcggcaggcc caacaggctg ggaaataatt gtgttggaag 420
cactgggggg gttgggggtg gcttggaaac cagggtgtga cagcgtgctg tagtggaagt 480
tttgtatcat agtaatcctg tttccacttt gttatactct agccaagatt gactgtatta 540
gatgaaatgt gaggatcctg ttcaatcggg aacccccgtt acctcctctt tttctttctc 600
tttctttttt tttttttact taaacatttt tatgatgatt tagatggaag ttgttcttcg 660
tcacttaatg ttggttccag tccttcaact gttcatactt actttataac attcacatac 720
taacccttct tcaagatggg gtgggggggtg gaaatgcagt ttagccatgt cctcaagata 780
aagtcttggt aaaaataaat aaatgtcctt tagttataaa aaaaaaaaaa aaaattgaag 840
gactggaacc aacattaagt gacgaagaac aactgtggtg tgtgggaaag gctttggacc 900
tagaccaacc tggattgaaa tctaattttc tcacttaagg gaagttcaat tactcctcag 960
ttccccacatc tatcagtggg gataatgcct ag

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1196 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

```

gggcgcccgg aaggctcagcg tgtgaagtag gcgctggcaa cgcgggggtta cccgctgtta 60
ttgaggagta acggcccagc ggaccaccca ggcttgaggc agcggcgggg accactcggt 120
ttgctgcgat accatggaag gaggcggggg aagcggcaac aaaaccacag ggggattggc 180
cggctttttc ggagccggcg gagcagggtta ctgcacgcg gatttggtg gcgtcccgt 240
aactggtatg aaccctctgt ctctttattt aaatgtggat ccacgatacc tcgtgcagga 300
tacagatgag tttattttac ctaccggagc taataaaaacc cggggcagat ttgagctggc 360
cttcttttac attggaggat gttgcatgac aggggctgcg tttggtgcaa tgaatggtct 420
tcggctagga ttgaaggaaa ccagaacat ggcttggtcc aaaccaagaa atgtacagat 480
tttgaatatg gtgactaggc aaggggcact ttgggctaact actctagggt ctctggcttt 540
gctcratagt gcatttggtg tcatcattga gaaaacacga ggtgcagaag atgaccttaa 600
cacagtagca gctggaacca tgacaggcat gttgtataaa tgtacagggtg gtcttcgagg 660

```

```

gatagcacga ggtggtctga caggactaac acttaccagc ctctatgcac tatataataa 720
ctgggagcac atgaaaggct ccttgctcca acagtcactc tgaagatttt gccaaactcat 780
gaatggagga cacttcagta gtcattctaga tccttttata agacagtttg gagttattct 840
ctctcttcta cctacaatta gtttgaaaaa ttggagattt tgatttgctg tgatgaaaaa 900
cctggatggc tgaccaagac tggcacttgt tccagccatt agtgagttga agccaaagcc 960
ctttggtgac tcaactgagta ccatggttct gttctcctct ggagatcttg cacgtatctg1020
ttttcctccc ccatgaacta gaaaaccact tactcccaga attcaggtcg tgcttgtag1080
tactatatca ccaagtccat tcatttaatg atccaaaact gtaatgttgc actgtattcc1140
aaataaaggg taaaaacaga accaaagtta taactccaac acacaaaaaa aaaaaa 1196

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1105 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

```

ggcttaggcc cagccccctg cctccccctc cttccccag gtataagagc tgagctcagg 60
tgagctggct cctcctgtct tgtctcagcg gctgccaaca gatcatgagc catcagctcc 120
tctggggcca gctataggac aacagaactc tcaccaaagg accagacaca gtgagcacca 180
tgggacagtg tcggtcagcc aacgcagagg atgctcagga attcagtgat gtggagaggg 240
ccattgagac cctcatcaag aactttcacc agtactccgt ggaggggtggg aaggagacgc 300
tgacccttc tgagctacgg gacctgggtca cccagcagct gcccatctc atgccgagca 360
actgtggcct ggaagagaaa attgccaacc tgggcagctg caatgactct aaactggagt 420
tcaggagttt ctgggagctg attggagaag cggccaagag tgtgaagctg gagaggcctg 480
tccgggggca ctgagaactc cctctggaat tcttgggggg tggtggggag agactgtggg 540
cctggagata aaacttgtct cctctaccac caccctgtac cctagcctgc acctgtcctc 600
atctctgcaa agttcagctt cctccccag gtctctgtgc actctgtctt ggatgctctg 660
gggagctcat ggggtggagga gtctccacca gagggaggct caggggactg gttggggcag 720
ggatgaatat ttgagggata aaaatttgtt aagagccaaa gaattggtag tagggggaga 780
acagagagga gctgggctat gggaaatgat ttgaataatg gagctgggaa tatggctgga 840
tatctggtac taaaaaaggg tctttaagaa cctacttcct aatctcttcc ccaatccaaa 900
ccatagctgt ctgtccagtg ctctcttcct gcctccagct ctgccccagg ctccctcctag 960
actctgtccc tgggctaggg caggggagga gggagagcag ggttggggga gaggctgagg1020

```

agagtgtgac atgtggggag aggaccagct ggggtgcttg gcattgacag aatgatgggtt1080
gttttgtatc atttgattaa taaaa 1105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2006 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

tgcgagccga	ggcgccgagc	aagatggcgg	cgcgagtgtc	gcgcgcccgc	ggaggcgctg	60
ggccggcggc	ctcctgcagc	gggcggcccc	ctgcagcctc	ctgcccaggc	tccggacatg	120
gacatcttcc	agcaacagat	ctcgagaaga	cagctggcta	aaatccttat	ttgtccggaa	180
agttgatcca	agaaaagatg	cccactccaa	tctcctagcc	aaaaaggaaa	caagcaatct	240
atacaaatta	cagtttcaca	atgttaaacc	ggaatgccta	gaagcataca	acaaaatttg	300
tcaagaggtg	ttgccaaaga	ttcacgaaga	taaacactac	ccttgtactt	tggtggggac	360
ttggaacacg	tggtatggcg	agcaggacca	agctgtccac	ctctggaggt	atgaaggagg	420
ctatccagcc	ctcacagaag	tcatgaataa	actcagagaa	aataaggaat	ttttggaatt	480
tcgtaaggca	agaagtgaca	tgcttctctc	caggaagaat	cagctcctgt	tggagttcag	540
tttctggaat	gagcctgtgc	caagatccgg	acctaataa	tatgaactca	ggtcttacca	600
actccgacca	ggaaccatga	ttgaatgggg	caattactgg	gctcgtgcaa	tccgcttcag	660
acaggatggt	aacgaagccg	tcggaggatt	cttctctcag	attgggcagc	tgtacatggt	720
gcaccatctt	tgggcttaca	gggatcttca	gaccagggaa	gacatacgga	atgcagcatg	780
gcacaaacat	ggctgggagg	aattggtata	ttacacagtt	ccacttattc	aggaaatgga	840
atccagaatc	atgatcccac	tgaagacctc	gcccctccag	taaagctgta	gagtttctat	900
gtgcctacat	acatttctgt	gacaagtatt	tgctgtaaat	taattttaat	tgtgtatcaa	960
gtgaaaaaga	aacactgagg	ttttaagctg	ctgtatatag	cttgtgagaa	acctcttttcl	1020
tttaaaattt	acataatcac	aagaaaggaa	agaattacag	ttggactgat	tgtgacagtg	1080
ccttgtcgtc	ctctttgaaa	caccccggtg	tgtccagtat	accttataac	acttagccac	1140
ttctccccac	cctccagaag	gggtccacgt	tgaattctga	atcatcttga	aaataagatt	1200
ccaaccacaa	aaaaaattta	gccatttctt	tactaaaaaa	aacaaaaaaa	caaactctgt	1260
ttataatcac	agatttttag	acaaatttct	tgtatcagga	agaaatacaa	attttgtcat	1320
gtttctcaag	cagtttttct	gagtagtttc	tgaggaggaa	caaattacaa	gtgtacccaal	1380
taactgaaaa	tgttttaact	cactctcatt	tgtaagcagt	ccacatagta	gacaatgggt	1440


```

tttccaagct gggcaaggta catttaatca gtaaatcagt ttcacatcat gtattgtgat1500
gtttcaatgt gagacacaaa aacaatggct tgaaacttgt gtatcatatg tgattttgaa1560
atgaacacct tgaatagcac taatttttat ttgtggtatt tttctataac aaaacaagta1620
gctctaggaa aagagggtttt attttgtaaa cgatcatttg tgacctcaga cactctctgg1680
ctaataatatt aataagctca cagcagataa ttctgagatc atgggtgagg ggtggtgcat1740
gttgagattt aaattggcat aaagctgcat actttttgtc tagctgtttg atttcatttt1800
ttaatatagt atgccaatat tgtgactgtt accatgtgaa agtcctgttg aaatgaacaa1860
ttgtctgccc cacaatcaag aatgtatgtg taaagtgtga ataaatctca tatcaaagt1920
caaactttta catgtgaatg attttctcaa agaacataga aaagtcaata aaatcctctt1980
aatttccaca aaaaaaaaaa aaaaac

```

2006

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 834 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```

ccggaaccag aactggaatc cgcccttacc gcttgctgcc aaaacagtgg gggctgaact 60
gacctctccc ctttgggaga gaaaaactgt ctgggagctt gacaaaggca tgcaggagag 120
aacaggagca gccacagcca ggaggagag ccttcccca gcaaacaatc cagagcagct 180
gtgcaaaaaa cgggtgcataa atgaggcctc ctggaccatg aagcgagtcc tgagctgcgt 240
cccggagccc acggtgggtca tggctgccag agcgtctctg atgctggggc tggctctggc 300
cttgctgtcc tccagctctg ctgaggagta cgtgggcctg tctgcaaacc agtgtgccgt 360
gccagccaag gacaggggtg actgcggtta ccccatgtc accccaagg agtgcaacaa 420
ccggggctgc tgctttgact ccaggatccc tggagtgcct tgggtgttca agcccctgca 480
ggaagcagaa tgcaccttct gaggcacctc cagctgcccc cggccggggg atgcgaggct 540
cggagcaccc ttgcccggt gtgattgctg ccaggcactg ttcattctcag cttttctgtc 600
cctttgtccc cggcaagcgc ttctgtgtaa agttcatatc tggagcctga tgtcttaacg 660
aataaaggct ccatgctcca cccgaggaca gttcttcgtg cctgagactt tctgagggtg 720
tgctttatct ctgctgcgtc gtggacagcg ggagggtgtc aggggagagt ctgccagggc 780
ctcaagggca ggaaaagact ccctaaggag ctgcagtgtc tgcaaggata tttt 834

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 765 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20 :

```

cgggaacggg gcggaacggg ctgcgccggc gcgtcgaggg gagaggcagc agccgcgatg 60
gacgtgttcc tcatgatccg gcgccacaag accaccatct tcacggacgc caaggagtcc 120
agcacgggtg tcgaactgaa gcgcatcgtc gagggcatcc tcaagcggcc tcctgacgag 180
cagcggctgt acaaggatga ccaactcttg gatgatggca agacactggg cgagtgtggc 240
ttcaccagtc aaacagcacg gccacaggcc ccagccacag tggggctggc cttccgggca 300
gatgacacct ttgaggccct gtgcatcgag ccgttttcca gcccgccaga gctgcccgat 360
gtgatgaagc cccaggactc gggaagcagt gccaatgaac aagccgtgca gtgagacccc 420
caagaggccc atttccccca ataaaagaga tttgggagtc tgacaaaatg ctgcctcttt 480
ttcccgcccc tccttgggat gggteccact ccctgtgggc tccttttggg gcttgtgctt 540
ggcagttcct gtgctgtcct gtctcccaga tcctgagacc ctggctgaga acttggccca 600
gcctgctgct taaaggcacc atggggacct gggttgccct cagacccaag ccattgttag 660
cagctagcca gccacaccaa ccacgccagg gggaggaaag ggaaggaatg ggagagacac 720
aaagaccaga gccaacctca gggacaagag attccagtgt ggcct 765

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 779 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

```
gcggggagtc caggttccgc cccggagccg acttcctcct ggtcggcggc tgcagcgggg 60
tgagcggcgg cagcggccgg ggatcctgga gccatggggc gcgcgcgcga cgccatcctg 120
gatgcgctgg agaacctgac cgccgaggag ctcaagaagt tcaagctgaa gctgctgtcg 180
gtgccgctgc gcgagggcta cgggcgcata ccgcggggcg cgctgctgtc catggacgcc 240
ttggacctca ccgacaagct ggtcagcttc tacctggaga cctacggcgc cgagctcacc 300
gctaacgtgc tgcgcgacat gggcctgcag gagatggccg ggcagctgca ggcggccacg 360
caccagggct ctggagccgc gccagctggg atccaggccc ctctcagtc ggcagccaag 420
ccaggcctgc actttataga ccagcaccgg gctgcgctta tcgcgagggg cacaaacgtt 480
gagtggctgc tggatgctct gtacgggaag gtcctgacgg atgagcagta ccaggcagtg 540
cgggcccagc ccaccaaccc aagcaagatg cggaagctct tcagtttcac accagcctgg 600
aactggacct gcaaggactt gctcctccag gccctaaggg agtcccagtc ctacctggtg 660
gaggacctgg agcggagctg aggtccttc ccagcaacac tccggtcagc ccctggcaat 720
cccaccaaat catcctgaat ctgatctttt tatacacaat atacgaaaag ccagcttga 779
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2327 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

```

cccacgcgtc cgagacatta ataagcttga agagcagaat ccagatattg tttcagaaaa 60
aaaaccagca actgaagtgg accccacaca ttttgaaaag cgcttcctaa agaggatccg 120
tgacttgagg gagggccact ttgggaaggt tgagctctgc aggtatgacc ccgaaggagc 180
caatacaggg gagcaggtgg ctgttaaatac tctgaagcct gagagtggag gtaaccacat 240
agctgatctg aaaaaggaaa tcgagatctt aaggaacctc tatcatgaga acattgtgaa 300
gtacaaagga atctgcacag aagacggagg aaatggtatt aagctcatca tggaatttct 360
gccttcggga agccttaagg aatatcttcc aaagaataag aacaaaataa acctcaaaca 420
gcagctaaaa tatgccgttc agatttgtaa ggggatggac tatttgggtt ctcggcaata 480
cgttcaccgg gacttggcag caagaaatgt ccttggtgag agtgaacacc aagtgaataa 540
tggagacttc ggtttaacca aagcaattga aaccgataag gagtattaca ccgtcaagga 600
tgaccgggac agccctgtgt tttggtatgc tccagaatgt ttaatgcaat cttaatttta 660
tattgcctct gacgtctggt cttttggagt cactctgcat gagctgctga cttactgtga 720
ttcagattct agtcccatgg ctttgttcct gaaaatgata ggcccaacc atggccagat 780
gacagtcaca agacttgtga atacgttaaa agaaggaaaa cgcttgccgt gccaccta 840
ctgtccagat gaggtttatc aacttatgag gaaatgctgg gaattccaac catccaatcg 900
gacaagcttt cagaacctta ttgaaggatt tgaagcactt ttaaaataag aagcattgat 960
aacattttaa ttccacagat tatcaagtcc ttctcctgca acaaatgccc aagtcatttt 1020
ttaaaaattt ctaatgaaa aagtttgtgt tctgtccaaa aagtcactga actcactatt 1080
cagtacatat acatgtataa ggcacactgt agtgcttaat atgtgtaagg acttcctctt 1140
taaatttggg accagtaact tagtgacaca taatgacaac caaaatattt gaaagcactt 1200
aagcactcct ccttgtggaa agaataatcc accatttcat ctggctagtt caccatcacal 1260
actgcattac caaaagggga tttttgaaaa cgaggagtgt accaaaataa tatctgaaga 1320
tgattgcttt tcctgctgc cagctgatct gaaatgtttt gctggcacat taatcataga 1380
taaagaaaag ttgatggact tagccctcaa atttcagtat ctatacagta ctagaccatg 1440
cattctttaa atattagata ccaggtagta tatattgttt ctgtacaaaa atgactgtat 1500
tctctacca gtaggactta aactttgttt ctccagtggc ttagctcctg ttcctttggg 1560
tgatcactag caccattttt tgagaaagct ggttctacat ggggggatag ctgtggaata 1620
gataatttgc tgcatgttaa ttaattctca agaactaagc ctgtgccagt gctttccta 1680
gcagtatacc tttaatcaga actcattccc agaacctgga tgctattaca catgctttta 1740
agaaacgtca atgtatatcc ttttataact ctaccacttt ggggcaagct attccagcac 1800
tggttttgaa tgctgtatgc aaccagtctg aataccacat acgctgcact gttcttagag 1860
ggtttccata cttaccaccg atctacaagg gttgatccct gtttttacca tcaatcatca 1920
ccctgtggtg caacacttga aagaccggc tagaggcact atggacttca ggatccacta 1980
gacagttttc agtttgcttg gaggtagctg ggtaatcaaa aatgtttagt cattgattca 2040
atgtgaacga ttacggtctt tatgaccaag agtctgaaaa tctttttgtt atgctgttta 2100
gtattcgttt gatattgtta cttttcacct gttgagccca aattcaggat tggttcagt 2160
gcagcaatga agttgccatt taaatttgtt catagcctac atcaccaagg tctctgtgtc 2220
aaacctgtgg ccactctata tgcactttgt ttactcttta tacaataaa tatactaaag 2280
actttaaaag agaagagaaa aaagaaaaga aaaaaaaaag ggggaag 2327

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 911 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:23 :

```

ccgggattgg ctgcggggcct cgcgaccctc ctgcttccct ccccgccccg cgccgcctct 60
ctggtttgtg cgcccgtcgc aggtcgcagg cctctttgtc agctggagtt gcgcgggctg 120
acgcgccact atgtagcggg ttccgggcgg gccacgcgtg cgggacagga acccaacccc 180
agccgacctt gagctccagg agttcgtctc ttacgtctgc ggaagtgcag ctgcctcagt 240
tcttagcgca ggttgacaac tacaggcaca agccattgaa gctggaatgt cctgttgctg 300
gtatttcaat tgacttaagc caactatccc ttcagttaca ataggaaagt gcctctaata 360
aggccaaata tgcgtactaa cttgtagcaa ccacgtgtcc gtgcagtgcc acaggagcta 420
gagcagtgc aatgctgggt gcaacagggc agtgtagcag gtgcttcagt ttcacctttt 480
caaccttttc atttaattgt cacaactcgg aggtggattc tgtagggac aggtgcccc 540
aggaccactc cgcccccgct aactcaatgc agctgacctt taccctgaat actctgcagc 600
tgcattcctg aaccgttatc taggcgctat agcaaggcca ccagacttgc tacaccgaag 660
ccctctgggt ggcacggggg aggtcatgag aaacgtggat tacacccccct tgtaaattcc 720
tattttcaca agataatata ttgtaagccg gtcattgagat tatatgtggt aaagttaatt 780
gactaacaac cccaggtgtc ctctccccc tataaacccc tcattttgta agctcagggc 840
tgccacctcc gactggtgga gaagcctggc aggttaataa acttacttgg cctgaaaagg 900
gaaaagcaag a

```

911

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 595 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:24 :

```

cccacgcgtc cggccaggat actgcgagta tggcggcgtc aaaggtgaag caggacatgc 60
ctccgccggg gggctatggg cccatcgact acaaacggaa cttgccgcgt cgaggactgt 120
cgggctacag catgctggcc atagggattg gaaccctgat ctacgggcac tggagcataa 180
tgaagtggaa ccgtgagcgc aggcgcctac aaatcgagga cttcgaggct cgcacgcgc 240
tggtgccact gttacaggca gaaaccgacc ggaggacctt gcagatgctt cgggagaacc 300
tggaggagga ggccatcatc atgaaggacg tgcccgactg gaaggtgggg gagtctgtgt 360
tccacacaac ccgctgggtg ccccccttga tcggggagct gtacgggctg cgcaccacag 420
aggaggctct ccatgccagc cacggcttca tgtggtacac gtaggccctg tgccctccgg 480
ccacctgat ccctgcccct ccccaactgg acggaataaa tgctctgcag acctggaaaa 540
aagaaaggag gacaagaaaa aacgggggtc agaagggaga gagtgggccc ccgta 595

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 886 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

```

ctcagtatta agcaacagaa aatgagactc atcgtagact cagcatagac ccatcacaga 60
cctgtcagag gccgattgta agctcgctgt agacccatga tagcagaccc gtagtacta 120
gcactggatc aaatgcaagc ttataaagca ttggacacct caagtctagt cggcgagcag 180
gtcacaagct acctaactaa gaagtttgct gaactacgca gcccgaatga gttcaagggtg 240
tacatgggccc acggtgggaa gccctgggtc tccgacttca gtcaccctca ttacctggct 300
gggagaagag ccatgaagac agtttttggt gttgagccag acttgaccag ggaaggcggc 360
agtattcccg tgaccttgac ctttcaggag gccacgggca agaacgtcat gctgctgcct 420
gtggggtcag cggatgacgg agcccactcc cagaatgaaa agctcaacag gtataactac 480
atagagggaa ccaagatgct ggccgcgtac ctgtatgagg tctcccagct gaaggactag 540
gccaagccct ctgtgtgcca tctccaatga gaaggaatcc tgccctcacc tcaccctttt 600
ccaacttgcc cagggaagtg gaggttccct ctttcctttc cctcttgta ggtcatccat 660
gactttagag aacagacaca agtgtatcca gctgtccacg ggtggagcta cccgttgggc 720
ttatgagtga cctggagtga cagctgagtc accctgggta agttctcaga gtggtcagga 780
tggttgacc tgcagaagat acccaaggtc caaagcaca aggtctgcgg aaagttctgg 840
ttgtcggctg ggcaccacgg ctcacaccta taatcgagca tttggg 886

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2273 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

```

ttaaaaaaaa aaccgcctgg tcttggggtc cattaaaccc atggaacttc actatcccca 60
gtagccgctc ccagcgggtt aagtggacct ccaagtgtat ggctttatgg tttatggccg 120
ggttcaggcc cttaataaag tgtaattatg tattaccagc aggggtgttt taactgtgac 180
tattgtataa aaacaaatct tgatatccag aagcacatga agtttgcaac tttccaccct 240
gcccattttt gtaaaactgc agtcatcttg gaccttttaa aacacaaatt ttaaactcaa 300
ccaagctgtg ataagtggaa tggttactgt ttatactgtg gtatgttttt gattacagca 360
gataatgctt tcttttccag tcgtctttga gaataaagga aaaaaaatct tcagatgcaa 420
tggttttgtg tagcatcttg tctatcatgt tttgtaaata ctggagaagc tttgaccaat 480
ttgacttaga gatggaatgt aactttgctt acaaaaattg ctattaaact cctgcttaag 540
gtgttctaata tttctgtgag cactactaaa gcgaaaaata aatgtgaata aaatgtacaa 600
atgtgtgtg tttttttatg ttctaataat actgagactt ctaggcttta ggttaatttt 660
taggaagatc ttgcatgcca tcaggagtaa attttattgt gggtcttaat ctgaagtgtt 720
caagctctga aattcataat ccgcagtgtc agattacgta gaggaagatc ttacaacatt 780
ccatgtcaaa tctgttacca tttattggca tttagttttc atttaagaat tgaacataat 840
tattttttatt gtagctatat agcatgtcag attaaatcat ttacaacaaa aggggtgtga 900
acctaagact atttaaagt cttatgagaa aatttcataa agccattctc ttgtcattca 960
ggtccagaaa caaattttta actgagtgtg agtctataga atccatactg cagatgggtc1020
atgaaatgtg accaaatgtg tttcaaaaat tgatgggtga ttacctgcta ttgtaattgc1080
ttagtgttg gctaatttcc aaattattgc ataatatgtt ctaccttaag aaaacagggt1140
tatgtaacaa agtaatgggt ttgaatggat gatgtcagtt catgggcctt tagcatagtt1200
ttaagcatcc tttttttttg aaagtgttga aagtgtgtta gcatctgtt actcaaagg1260
taagacagac aataatactt cactgaatat taataatctt tactagttaa cctcctctgc1320
tctttgccac ccgataactg gatattcttt cttcaaagg accctaaact gattgaaatt1380
taagatatgt atcaaaaaca ttatttcatt taatgcacat ctgttttgct gtttttgagc1440
agtgtgcagt ttagggttca tgataaatca tgaaccaca tgtgtaacaa ctgaatgcc1500
aatcttaaac tcattagaaa aataacaaat taggttttga cagcattct taattggaat1560
aatggatcaa aaatagtgg tcatgacctt accaaacacc cttgctacta ataaaatca1620
ataacactta gaagggtatg tatttttagt tagggtttct tgatcttgga ggatgttgga1680

```

```

aagttaaaaa ttgaatttgg taaccaaagg actgatttat gggctcttcc tatcttaacc1740
aacgttttct tagttaccta gatggccaag tacagtgcct ggtatgtagt aagactcagt1800
aaaaaagtgg atttttaaaa ataactccca aagtgaatag tcaaaaatcc tgtagcaaa1860
ctgttatata ttgctaagtt tggtctttta acagctggaa tttattaaga tgcattattt1920
tgattttatt cactgcctaa aacactttgg gtggtattga tggagttggg ggattttcct1980
ccaagtgatt aaatgaaatt tgacgtatct tttcatccaa agttttgtac atcatgtttt2040
ctaacggaaa aaaatgttaa tatggctttt ttgtattact aaaaatagct ttgagattaa2100
ggaaaaataa ataactcttg tacagttcag tattgtctat taaatctgta ttggcagtat2160
gtataatggc atttgctgtg gttacaaaat acttcctctg ggttataata atcatttgat2220
ccaattccta ttgcttgtaa aataaagttt taccagttga tataaaaaaa aaa 2273

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1574 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

```

gctctctgct ccggtgcagg cgcgcagggc gccctgggct gggagcaacg cgactgaccg 60
tggtcgtggg cggacggcgg ctgcagcgtg gaggagctgg ggtcgtgtg ggtcgcgaac 120
agagcccggg acgtgcgcgc ttggtgcacg atcctgaagg ggagctccga ggggcccggg 180
tcgccagggc tgctgcggcc attcccggag cccggcgcgg ggcccgcgag atactggttt 240
aggccgtccc agggctccgg gcgcacccgg tggccgctgc tgcagcggag ggagcgcggc 300
ggcgcggggg gctcggagac agcgtttctc ccggaagtct tcctcgggca gcaggtggga 360
agtgggagcc ggagcggcag ctggcagcgt tctctccgca ggtcggcacc atgcgccctg 420
cagccctgcg cggggccctg ctgggctgcc tctgcctggc gttgctttgc ctgggcgggtg 480
cggacaagcg cctgcgtgac aaccatgagt ggaaaaaact aattatggtt cagcactggc 540
ctgagacagt atgcgagaaa attcaaaacg actgtagaga ccctccggat tactggacaa 600
tacatggact atggcccgat aaaagtgaag gatgtaatag atcgtggccc ttcaatttag 660
aagagattaa ggatcttttg ccagaaatga gggcactact gcctgacgta attcactcgt 720
ttcccaatcg cagccgcttc tggaagcatg agtgggaaaa gcatgggacc tgcgcggccc 780
aggtggatgc gctcaactcc cagaagaagt actttggcag aagcctggaa ctctacaggg 840
agctggacct caacagtgtg cttctaaaat tggggataaa accatccatc aattactacc 900
aagttgcaga ttttaaagat gcccttgcca gagtatatgg agtgataccc aaaatccagt 960

```



```

gccttccacc aagccaggat gaggaagtac agacaattgg tcagatagaa ctgtgcctca1020
ctaagcaaga ccagcagctg caaaactgca ccgagccggg ggagcagccg tcccccaagc1080
aggaagtctg gctggcaaat ggggccgccc agagccgggg tctgagagtc tgtgaagatg1140
gcccagtcct ctatccccc cctaaaaaga ccaagcattg atgcccaggt tttggaata1200
ttctgtttta aaaagcaaga gaaattcaca aactgcagct ttctaaaaaa caactccaa1260
gtgaagtctg tttattttgc tgtttccctt ccatgcctgt gaattgggtg ttgtgggtccc1320
tgtagagtga gtgcatgtgg cgtacacggg gggaaaggag ctctgccacg cctgggtggc1380
tggtttgggc ttgggataaa ggtcgcggga ttgtttaggg ttttttctct gttaaactct1440
tcagtgcctg ggtagatcag gcagggatac ttgggattta gacaggtggc accggttcag1500
ggggactccg ctgggcggag gttttccccc tgggagccgg cttgcctgct ttggggaagg1560
ggccctggga aggc

```

1574

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3070 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

```

ccggagtgtt ttaatcggg tctgttctgt cctctccacc acccccaccc ccctccctcc 60
ggtgtgtgtg ccgtgccgc gcgaccgccc agcctcgtca gcctgcgcag cccctcacag 120
gaggcccagc ccgagtgcag tccagaagcc cccccagcgg aggcgccaga gtaaaagagc 180
aagcttttgt gagataatcg aagaactttt ctcccccggt tgtttgttgg agtgggtcca 240
ggtactgggt ttggagaact tgtctacaac cagggtattga ttttaaagat gtcttttttt 300
attttacttt ttttaagca ccaaattttg ttgttttttt tttttctccc ctccccacag 360
atcccatctc aaatcattct gttaaccacc attccaacag gtcgaggaga gcttaaacac 420
cttcttcctc tgccttggtt ctcttttatt ttttattttt tcgcatcagt attaagtgtt 480
ttgcataact tgcattctta ttcaaaagt taaactttct ttgtcaatct atggacatgc 540
ccatatatga aggagatggg tgggtcaaaa agggatatca aatgaagtga taggggtcac 600
aatggggaaa ttgaagtggg gcataacatt gccaaaatag tgtgccacta gaaatgggtg 660
aaaggctctt tttttttttt ttaaaagaaa agttattacc atgtattttg tgaggcaggt 720
ttacaacact acaagtcttg agttaagaag gaaagaggaa aaaagaaaaa acaccaatac 780
ccagatttaa aaaaaaaaaa acgatcatag tcttaggagt tcatttaaac cataggaact 840
tttcacttat ctcatgttag ctgtaccagt cagtgattaa gtagaactac aagttgtata 900

```

```

ggctttattg tttattgctg gtttatgacc ttaataaagt gtaattatgt attaccagca 960
gggtgttttt aactgtgact attgtataaa aacaaatctt gatatccaga agcacatgaal020
gtttgcaact ttccaccctg cccatttttg taaaactgca gtcactcttg accttttaaa1080
acacaaatth taaactcaac caagctgtga taagtgaat ggttactgtt tatactgtgg1140
tatgtttttg attacagcag ataatgcttt cttttccagt cgtctttgag aataaaggaa1200
aaaaaatctt cagatgcaat ggttttgtgt agcatcttgt ctatcatgtt ttgtaaatac1260
tggagaagct ttgaccaatt tgacttagag atggaatgta actttgctta caaaaattgc1320
tattaaactc ctgcttaagg tgttctaatt ttctgtgagc aactaaaaag cgaaaaataa1380
atgtgaataa aatgtaaaaa attgttgtgt ttttttatgt tctaataata ctgagacttc1440
taggtcttag gttatttttt aggaagatct tgcattgccat caggagtaaa ttttattgtg1500
gttcttaate tgaagttttc aagctctgaa attcataatc cgcagtgtca gattacgtag1560
aggaagatct tacaacattc catgtcaaat ctgttaccat ttattggcat ttagttttca1620
tttaagaatt gaacataatt atttttatgt tagctatata gcatgtcaga ttaaatacatt1680
tacaacaaaa ggggtgtgaa cctaagacta tttaaatgtc ttatgagaaa atttcataaa1740
gccattctct tgtcattcag gtccagaaac aaatttttaa ctgagtga ga gtctatagaal800
tccatactgc agatgggtca tgaaatgtga ccaaatgtgt ttcaaaaaatt gatgggtgat1860
tacctgctat tgtaattgct tagtgcttgg ctaatttcca aattattgca taatatgttc1920
taccttaaga aaacagggtt atgtaacaaa gtaatgggtg tgaatggatg atgtcagttc1980
atgggccttt agcatagttt taagcatcct tttttttttt tttttgaaag tgtgttagca2040
tcttgttact caaaggataa gacagacaat aatacttcac tgaatattaa taatctttac2100
tagtttacct cctctgctct ttgccaccctg ataactggat atcttttcct tcaaaggacc2160
ctaaactgat tgaaatttaa gatattgtatc aaaaacatta tttcatttaa tgcacatctg2220
ttttgctgtt tttagcagat gtgcagttta ggggtcatga taaatcattg aaccacatgt2280
gtaacaactg aatgccaaat cttaaactca ttagaaaaat aacaaattag gttttgacac2340
gcattcttaa ttggaataat ggatcaaaaa tagtggttca tgaccttacc aaacaccctt2400
gctactaata aaatcaaata acacttagaa ggggtatgtat ttttagttag gggttcttga2460
tcttgaggga tgtttgaaag ttaaaaattg aatttggtaa ccaaaggact gatttatggg2520
tctttcctat cttaaccaac gttttcttag ttacctagat ggccaagtac agtgcctggg2580
atgtagtaag actcagtaaa aaagtggatt tttaaaaaata actcccaaag tgaatagtca2640
aaaatcctgt tagcaaaactg ttatatattg ctaagtttgt tcttttaaca gctggaattt2700
attaagatgc attattttga ttttattcac tgcctaaaaac actttgggtg gtattgatgg2760
agttgggtgga ttttcctcca agtgattaaa tgaaatttga cgtatctttt catccaaagt2820
tttgtagatc atgttttcta acggaaaaaa atgttaatat ggcttttttg tattactaaa2880
aatagctttg agattaagga aaaataaata actctgttac agttcagtat tgtctattaa2940
atctgtattg gcagtatgta taatggcatt tgctgtggtt acaaaatact tcctctgggt3000
tataataatc atttgatcca attcctattg cttgtaaaaa aaagttttac cagttgatat3060
aaaaaaaaaa

```

3070

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 31 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2751 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:31:

```
tggggctgga gtgcactagt ctttttgctt ggtagttttg catggtttag ggtaaaaaat 60
aattccgaag atacaccagc tcacaaatga aaacgtcagc ctctgcgcca ccctccctcc 120
tgcccaaagt gaatttggtg ctcagaaaaag aactgtttat accactcacc tttctcccag 180
catgtactca ctgtgggcag atgcaccaat acatggtaat cctcttactc attttaagac 240
gtaggaaact caatattctt ctctaaccat atacgatagg gctcttcgct tttaatgata 300
tctgggattt ctgtggaact tggcaaattt tcagagcacc ttcactcaca taatgtcatt 360
tgaacctcac aatgttcttg ggatggagtc agttgttcag ggtccccgtg tgtgtgataa 420
gcagtgtctg ctggctgtct tcagaactct tggaaatctt tacacatgcg agtgctaacc 480
actttgagca aggctgcctt cttgtagatg acttgctgtt ctttatgaca gggatcagtg 540
gcatttgttt cctagcagta tttagcacct ttttgccacc ttggtgaaca gaaaattgta 600
tttctctgtc tttcatggct gaaaacaaaa ttaattggaa ttttaataac gtttgacaga 660
actgcccctc ccctcattga gggtcactgc tcaagagtgc aggagtggac tctccactga 720
tgggtctccc tccccatcct gggttccacc ccgggctggc tagctctgtt ggtttgaaga 780
ctgacagcca gcctggctca ttctcattat tggctagtta gctttcttta tcaacctgct 840
cactcacaaa tgtgtgccct cagccagaga gtaagaaagc ccaaactctgt tacagcttct 900
aaaaaaatag atttctaatt tgtcctactc atgttaggag cattatcttt gaaggtaaaa 960
catagtgtat catttgtgtaa actcccaggc ttgatgtagc agaagagatc atttctggag1020
gcttcagcaa tggaatttag cattataaga gagattggac aaaccagtc aaagtggctc1080
gagttcttaa atccaggtag ggaactcact cttctttctt ctctggacct aattgggcat1140
tgggcttttag tgagaccaca gaccaggccc gtctctcctg taggctttta attcaatggc1200
aactctattt caaagaataa aagccttttg agagttgagg cagttctggg ggcgggctca1260
ggagagtcca tagatcagcc gtaactggaa cgtagaatct acgtctgcct ctgaatggac1320
ttcccacctc ctctctcttg ctctgatgct tgcctctggg cctctccatg cccaagggtg1380
tctttcatcc ttgacaggct ggtaatgtgc tggccacctc cagctcctgc atcagagtct1440
taaaccagag ctggtttctc tggccttcgt cagcatacca ggatacggag gggagcccag1500
ggccatccat acccacccca gggtaacggg gctggcctgg cattagtcac tatttagttt1560
ccaggccaac catccagata gagattccct ctttcttttg agcagtgtc tcaagagctc1620
cgtgcctgtc cacaatgacc tagagtgcac cctgtctatt gtcagtgtag cccctgcctc1680
ctatattcat ccaggatact tggaaagtgt aaaataggaa gggattcggc tttcaacttt1740
gctaccatct tccctgaagc aggaaaatga acatggactt aaatgttctt tgaaaaaac1800
aaagttttta gatttgctgt gtgatgaagt gacagggagg gccggagtca gcagggtgca1860
gactttctgt tctgtctgcc atgggtttgt ccagctcagg tagctctagg agcaccatcc1920
tgccctagca gagcccaggc cttgccctca tgaagcatca ttgaaatagc aggagcatgt1980
tgatgttctg gttaggttgc attataataa caagagtcag aacattaatt cgaaacaact2040
tgacagtgc atttcttcac accagtacat tcttaagtgt acttgtttat aaggaataac2100
ataaactaat ctgtaccttt atatatatgt gtgtgtacat atatacatat ataaactgta2160
tagtgtacat ggtaatgatt tattgtatg cccagatcc ttaatgtagt tctcatcctc2220
cgcatgccct cagccacaag cgggtgactg actgttccct gatgatttgg cccacctcct2280
gtgtttggac ctctagggag gaggttttgg gtcatactct ccttatcctc gtgcacagaa2340
atgtctcagg tccccatgtg cctgttgttc agccctctct cttgttccct ttctgagcat2400
gtggtccttc cccaggctgt gggacagctg ccttcccacg aaagtgtaaa gcagtattaa2460
gatcattact gcatgtgccc taaaaaccca agttttctat tcccttagga cagaaaattg2520
catgtgaggt gggataatcg agtttcagtg acccacgtca gttacacatt aaagccagac2580
cccatgataa aattccacaa aatggaaata aaactcaaat ttcttttagc ttgtgtaaat2640
aaatctgaat gtgtttaact ttgtactggt aattttctgt atatttggaa tatttgggtt2700
aaaaataaaa cagactggac tttgttacct gacctactga aaaaaaaaaa a 2751
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 890 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

```

ggcggcgggg aggggggggg cggatgcggg gacagcggcc tggctaactc ctgccaggca 60
gtgcccttcc cggagcgtgc cctcgccgct gagtccccct gaacagcagc tgcagcagcc 120
atggccccgc cctgggtgcc cgccatgggc ttacgctgg cgccagcctt ggggtgcttc 180
gtgggctccc gctttgtcca cggcgagggt ctccgctgg acgccggcct gcagaagccc 240
tcgtggcacc cgccccactg ggtgctgggc cctgtctggg gcacgctcta ctcagccatg 300
gggtacggct cctacctggt ctggaaagag ctgggaggct tcacagagaa ggctgtggtt 360
cccctgggcc tctacactgg gcagctggcc ctgaactggg catggcccc catcttcttt 420
ggtgcccagc aaatgggctg ggccttgggt gatctcctgc tggtcagtgg ggcggcggca 480
gcactaccgt ggcctggtac caggtgagcc cgtggccgc ccgcctgctc taccctacc 540
tggcctggct ggccttcgcg accacactca actactgct atggcgggac aaccatggct 600
ggcgtggggg acggcggctg ccagagttag tgcccggccc accagggact gcagctgcac 660
cagcaggtgc catcacgctt gtgatgtggt ggccgtcacg ctttcatgac cactgggcct 720
gctagtctgt cagggccttg gccaggggt cagcagagct tcagaggtgg cccacactga 780
gccccaccc gggagcagtg tctgtgctt tctgcatgct tagagcatgt tcttgaaca 840
tggaatttta taagctgaat aaagtttttg acttccttta aaaaaaaaaa 890

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 693 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

```

cgtcctttca tccgggcggt tgcctgcagc aagatggcgg cggctctcaat gtcagtggta 60
ctgaggcaga cggtgtggcg gagaaggga gtggctgtag ctgccctttc cgtttccagg 120
gttccgacca ggtcgttgag gacttccaca tggagattgg cacaggacca gactcaagac 180
acacaactca taacagttga tgaaaaattg gatatcacta ctttaactgg cgttccagaa 240
gagcatataa aaactagaaa agtcaggatc tttgttcctg ctgcgaataa catgcagtct 300
ggagtaaaca acacaaagaa atggaagatg gagtttgata ccaggagcgg atgggaaaat 360
cctttgatgg gttgggcatc aacggctgat cccttatcca acatggttct aaccttcagt 420
actaaagaag atgcagtttc ctttgcagaa aaaaatggat ggagctatga cattgaagag 480
aggaagggttc caaaacccaa gtccaagtct tatggtgcaa acttttcttg gaacaaaaga 540
acaagagtat ccacaaaata ggttggcact gactatatct ctgcttgact gtgaataaag 600
tcagctatgc agtatttata gtccatgtat aataaatata tctcttaatc tcctaataaa 660
ttggaccttt aaactaāaaa aaaaaaaaaa aaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1054 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

```

gcagctcacg cgactgctgc agccggcgct gggccaggc accaccgagg tgctgctgct 60
gcagatctcc acgcggccgg aggatctcgg ggagacagtc tgctccctca agttcgccga 120
ccgagtgggt caagtggagc tggggccagc ccggcgccgc aggggtccgc gctcctccgg 180
gacgccttct tccctcagca ccgacactcc gctcaccggg acccctgca cccctacgcc 240
gtcccctggc agtcctccat gccccagtc cgacaacggc tcgggctcgg ctctcgcgcc 300
cgcagagggc ctgcccctct agtcctgggt cgcgccctg cccatggggg ctcaggccag 360
gtctctgctg gcagaggcgg tagtaaagtc cctgtacccc gtctcccagg gcacaagctc 420
cctagcctct ttggatccat tgcccctgag ctcccagagt gacccctcca cctccgcagc 480
cagtgaagtg tgttgctgct gctgaagtga tcaccccccg ccccagccc tgcatcaggc 540
cacaggctct ggctttctcc ttatcaccat ttgctgttat cacggcacac agcagggaat 600
cccaggcccc ccgccaagt ggttacccaa gtcaccactc ctgacccaaa aatcaggcat 660
ggcattaaaa cgttgcaaat tcctttactg ttatcccccc caccaccagg accatgtagg 720
gtgcagtctt tactccctaa cccgtttccc gaaaaagggt ctacctctt tccagacaga 780
tgagagaggg caggacttca ggctggatcc accactgggc tctccctccc ccagcctgga 840
gcacgggagg ggaggtgacg gctggtgact gatggatggg tagtgggctg agaagagggg 900
actaggaagg gctattccag gctcagccct gctcctgcag ctttgccgct gagtgttaga 960
aaaacaggca tgacagacca gggtgagggt tgtgcccagc tgggccacgg ccatgcgtgg 1020
gggtggccaa taaacaccgt ggactccaa aaaa

```

1054

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 541 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

```

aaaaatattt gctggaaagg acggtgggag gattacaggc gtgagccact gcgcccggcc 60
acattcagtt cttatcaaag aaataacca gacttaatct tgaatgatac gattatgccc 120
aatattaagt aaaaaatata agaaaagggt atcttaaata gatcttaggc aaaataccag 180
ctgatgaagg catctgatgc cttcatctgt tcagtcattt ccaaaaaacag taaaaataac 240
cactttttgt tgggcaatat gaaattttta aaggagtaga ataccaaatg atagaaacag 300
actgcctgaa ttgagaattt tgatttttta aagtgtgttt ctttctaaat tgctgttcct 360

```

```

taatttgatt aatttaattc atgtattatg attaaatctg aggcagatga gcttacaagt 420
attgaaataa ttactaatta atcacaaatg tgaagttatg catgatgtaa aaaatacaaa 480
cattctaatt aaaggctttg caacacaaaa gaaagaaaaa aagaaaagaa aaggggaaagg 540
g
541

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1187 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

```

cggtctgagg ccattcacca acccggtccc caaggacgga gcaatgttct tccactggcg 60
acgtgcagcg gaggagggca aggactaccc ctttgccagg ttcaataaga ctgtgcaggt 120
gcctgtgtac tcggagcagg agtaccagct ttatctccac gatgatgctt ggactaaggc 180
agaaactgac cacctctttg acctcagccg ccgctttgac ctgcgttttg ttgttatcca 240
tgaccggtat gaccaccagc agttcaagaa gcgttctgtg gaagacctga aggagcggta 300
ctaccacatc tgtgctaagc ttgccaacgt gcgggctgtg ccaggcacag accttaagat 360
accagtattt gatgctgggc acgaacgacg gcggaaggaa cagcttgagc gtctctacaa 420
ccggacccca gagcaggttg cagaggagga gtacctgcta caggagctgc gcaagattga 480
ggcccggag aaggagcggg agaaacgcag ccaggacctg cagaagctga tcacagcggc 540
agacaccact gcagagcagc ggcgcacgga acgcaaggcc cccaaaaaga agctacccca 600
gaaaaaggag gctgagaagc cggtgttcc tgagactgca ggcatacaagt ttccagactt 660
caagtctgca ggtgtcacgc tgcggagcca acggatgaag ctgccaaagt ctgtgggaca 720
gaagaagatc aaggcccttg aacagatgct gctggagctt ggtgtggagc tgagcccgac 780
acctacggag gagctgggtg acatgttcaa tgagctgcga aggacctggt gctgctctac 840
gagctcaagc aggcctgtgc caactgcgag tatgagctgc agatgctgcg gcaccgtcat 900
gaggcacttg cccgggcttg tgtgctaggg ggccctgcca caccagcatc aggcccaggc 960
ccggcctctg ctgagccggc agtgactgaa cccggacttg gtcctgacct caaggacacc1020
atcattgatg tgggtgggag acccctcacg cccaattcga gaaagcgacg ggagtgggcc1080
ccagctcat cttccgtgaa gaaagccaag aagccgtgag agggcccacg ggggtgtgggc1140
gacgctgtta tgtaaataga gctgctgagt tggaaaaaaa aaaaaaa 1187

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2281 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

```
gggtagaagt cggtagagcc agaaactcac ttttgatggt ggtgtgcccc tagtggcgag 60
ctggattcta aatcgtgccc tttattccct gcagccctga agttcagtc atcttgaaga 120
tctcccaacc tcaggagcct gagcttatga atgccaaccc ttctcctcca ccaagtcctt 180
ctcagcaaat caaccttggc ccgtcgtcca atcctcatgc taaaccatct gactttcact 240
tcttgaaagt gatcggaaaag ggcagttttg gaaagggttct tctagcaaga cacaaggcag 300
aagaagtgtt ctatgcagtc aaagttttac agaagaaagc aatcctgaaa aagaaagagg 360
agaagcatat tatgtcggag cggaatgttc tgttgaagaa tgtgaagcac cctttcctgg 420
tgggccttca cttctctttc cagactgctg acaaattgta ctttgtccta gactacatta 480
atggtggaga gttgttctac catctccaga gggaaacgctg cttcctggaa ccacgggctc 540
gtttctatgc tgctgaaata gccagtgcct tgggctacct gcattcactg aacatcgttt 600
atagagactt aaaaccagag aatattttgc tagattcaca gggacacatt gtccttactg 660
acttcggact ctgcaaggag aacattgaac acaacagcac aacatccacc ttctgtggca 720
cgccggagta tctcgcacct gaggtgcttc ataagcagcc ttatgacagg actgtggact 780
ggtggtgcct gggagctgtc ttgtatgaga tgctgtatgg cctgccgctt ttttatagcc 840
gaaacacagc tgaaatgtac gacaacattc tgaacaagcc tctccagctg aaaccaaata 900
ttacaaattc cgcaagacac ctccctggagg gcctcctgca gaaggacagg acaaagcggc 960
tcggggccaa ggatgacttc atggagatta agagtcatgt cttcttctcc ttaattaact 1020
gggatgatct cattaataag aagattactc ccccttttaa cccaaatgtg agtgggcca 1080
acgacctacg gcactttgac cccgagttaa ccgaagagcc tgtccccaac tccattggca 1140
agtcccctga cagcgtcctc gtcacagcca gcgtcaagga agctgccgag gctttcctag 1200
gcttttccta tgcgcctccc acggactctt tcctctgaac cctgttaggg cttggtttta 1260
aaggatttta tgtgtgtttc cgaatgtttt agttagcctt ttggtggagc cgccagctga 1320
caggacatct tacaagagaa tttgcacatc tctggaagct tagcaatctt attgcacact 1380
gttcgctgga agctttttga agagcacatt ctccctcagt agctcatgag gttttcattt 1440
ttattcttcc ttccaacgtg gtgctatctc tgaaacgagc gttagagtgc cgccttagac 1500
ggaggcagga gtttcgttag aaagcggagc ctgttctaaa aaaggtctcc tgcagatctg 1560
tctgggctgt gatgacgaat attatgaaat gtgccttttc tgaagagatt gtgtagctc 1620
caaagctttt cctatcgagc tgtttcagtt ctttattttc ccttgtggat atgctgtgtg 1680
aaccgtcgtg tgagtgtggt atgcctgac acagatggat tttgttataa gcatcaatgt 1740
```



```

gacacttgca ggacactaca acgtgggaca ttgtttgttt cttccatatt tggaagataa1800
atztatgtgt agactttttt gtaagatacg gtaataact aaaatttatt gaaatggtct1860
tgcaatgact cgtattcaga tgcttaaaga aagcattgct gctacaaata tttctatttt1920
tagaaagggg ttttatggac caatgcccc aattgtcagtc agagccggtg gtgtttttca1980
ttgtttaaaa tgtcacctgt aaaatgggca ttatttatgt tttttttttt gcattcctga2040
taattgtatg tattgtataa agaacgtctg tacattgggt tataacacta gtatatttaa2100
acttacaggc ttatttgtaa tgtaaacac catttttaag tactgtaatt aacatgggta2160
taatacgtac aatccttccc tcatcccatc acacaacttt ttttggtgtg gataaactga2220
ttttggtttg caataaaacc ttgaaaaata tttaaaaaaa aaaaaaaaaa ggggcgcccg2280
c

```

2281

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:40 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1759 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

```

gcggcgccgg ttgaactgac tcggagcgag gagacccgag cgagcagacg cggccctggc 60
gcccgccttg cgcactcacc atggcgatgc atttcatctt ctcagataca gcggtgcttc 120
tgtttgattt ctggagtgtc cacagtcttg ctggcatggc cctttcggtg ttggtgctcc 180
tgcttctggc tgtactgtat gaaggcatca aggttggcaa agccaagctg ctcaaccagg 240
tactggtgaa cctgccaaacc tccatcagcc agcagaccat cgagagaca gacggggact 300
ctgcaggctc agattcattc cctgttggca gaaccacca caggtggtat ttgtgtcact 360
ttggccagtc tctaattccat gtcattccagg tggatcatcg ctacttcac atgctggccg 420
taatgtccta caacacctgg attttccttg gtgtggtctt gggctctgct gtgggtact 480
acctagctta cccacttctc agcacagctt agctggtgag gaacgtgcag gcactgaggc 540
tgaggggaca tggagcccc tcttcagac actatacttc caactgccct ttcttctgat 600
ggctattcct ccaccttatt cccagccctt ggaaactttg agctgaagcc agcacttgct 660
ccctggagtt cggaagccat tgcagcaacc ttccttctca gccagcctac ataggggcca 720
ggcatggtct tgtgtcttaa gacagctgct gtgacaaaag ggagaatgga gataacaggg 780
gtggcagggt tactgagccc atgacaatgc ttctctgtga ctcaaaccag gaatttccaa 840
agatttcaag ccaggagaa gggttcttgg tgatgcagg catggaacct ggacaccctc 900
agctctctg ctttgtgcct tatctacagg agcatcgccc attggacttc ctgacctctt 960

```

```

ctgtctttga gggacagaga ccaagctaga tcctttttct cacctttctg cctttggaac1020
acatgaagat catctcgtct atggatcatg ttgacaaact aagttttttt tatttttccc1080
attgaactcc tagttggcaa ttttgacat tcatacaaaa aaatttttaa tgaaatgatt1140
tcattgattc atgatggatg gcagaaactg ctgagacctt tttccctttc ttggggagag1200
aataagtgc agctgattaa aggagagac acaggactgc tttcaggctc ctggtttatt1260
ctctgataga ctgagctcct tccaccagaa ggactgcct gcaggaagaa gatgatctga1320
tggccgtggg tgtctgggaa gctcttcgtg gcctcaatgc cctcctttat cctcatcttt1380
cttctatgca gaacaaaaag ctgcatctaa taatgttcaa tacttaatat tctctattta1440
ttacttactg cttactcgtt atgatctagt ggggaaacat gattcattca cttaaaatac1500
tgattaagcc atggcaggta ctgactgaag atgcaatcca accaaagcca ttacattttt1560
tgagttagat gggactctct ggatagttga acctcttcac ttataaaaaa aggaaagaga1620
gaaaatcact gctgtatact aaatacctca cagattagat gaaaagatgg ttgtaagctt1680
tgggaattaa aaacaaacaa atacatttta gtaaatatat aaatttttaa tagaaaaaaa1740
agaaaaaagt agcaggggt

```

1759

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1447 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

```

ggcttacctc tggggataac cgtcccagtt gccagagaaa caataacgtc attatttaatt 60
aagtcacggt tgattgggtcc gcccttgagg ttaatcttaa aagcccaggt taccgcgga 120
aatttatgct gtccgggtcac cgtgacaatg cagctgagga acccagaact acatctgggc 180
tgcgcgcttg cgcttcgctt cctggccctc gtttcctggg acatccctgg ggctagagca 240
ctggacaatg gattggcaag gacgcctacc atgggctggc tgactggga gcgcttcatt 300
tgcaaccrtg actgccagga agagccagat tcctgcatca gtgagaagct cttcatggag 360
atggcagagc tcatggtctc agaaggctgg aaggatgcag gttatgagta cctctgcatt 420
gatgactggt ggatggctcc ccaaagagat tcagaaggca gacttcaggc agaccctcag 480
cgctttcctc atgggattcg ccagctagct aattatgttc acagcaaagg actgaagcta 540
gggatttatg cagatgttgg aaataaaacc tgcgcaggct tccctgggag ttttggtatac 600
tacgacattg atgccagac ctttgctgac tggggagtag atctgctaaa atttgatggt 660
tgttactgtg acagtttggg aaatttggca gatggttata agcacatgtc cttggccctg 720
aataggactg gcagaagcat tgtgtactcc tgtgagtggc ctctttatat gtggcccttt 780

```

```

caaaagccca attatacaga aatccgacag tactgcaatc actggcgaaa ttttgctgac 840
attgatgatt cctggaaaag tataaagagt atcttggaact ggacatcttt taaccaggag 900
agaattgttg atgttgctgg accagggggt tggaatgacc cagatatgtt agtgattggc 960
aactttggcc tcagctggaa tcagcaagta actcagatgg ccctctgggc tatcatggct 1020
gctcctttat tcatgtctaa tgacctcca cacatcagcc ctcaagccaa agctctcctt 1080
caggataagg acgtaattgc catcaatcag gacccttgg gcaagcaagg gtaccagctt 1140
agacaggagg acaactttga agtggtggaa cgacctctct caggcttagc ctgggctgtat 1200
gctatgataa accggcagga gattggtgga cctcgtctct ataccatcgc agttgcttcc 1260
ctgggtaaaag gagtggcctg taatcctgcc tgcttcatca cacagctcct ccctgtgaaa 1320
aggaagctag ggttctatga atggacttca aggttaagaa gtcacataaa tcccacaggc 1380
actgttttgc ttcagctaga aaatacaatg cagatgtcat taaaagactt actttaaaat 1440
gtttaaa

```

1447

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 831 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

```

ggagtccctc ttgtccacc ttgacttgga aaaaccagtt tctcttttat tgtctgttac 60
taatctctat tctaaaaatt cagctcaatt ctcaaccata ctccaaactc tctcttttcc 120
agctaccttt actccctctc cttcaattcc actttcctct gcttactttt ttttttttcc 180
tgacagggtc tcaactttgt gcccgggcag gagtgcagtg gctcaatctt gggctcactg 240
cagcctcaac ctcccagagg cggggtttca ccatgttgcc cagactgggc ttgaactcct 300
gagcttaagc aatccacctg cctcggcctc ccaaagtgtt gggatcacag gcgtagagaa 360
ccgcatccgg cctcatgttc tttttcatta aagagagaaa tcaactattc aggaccggcc 420
cccacctttc ctcaggagtc atttctgttc cgcacaggcc tgctgaactg ggtgctttat 480
ataggatttc agtgagtgga agttcaggag gcatggagct gacaaccatg aggcctcggc 540
agccaccgcc accaccgccg ccgccaccac cgtagcagca gcagcagcag cagcagcagc 600
agcagcagca gcaagagtaa ctctgactta ggaatagaga cagccagaga gaaatgtgat 660
caatgaagga gacatctgga gtgtgcgtgc ttcttcagag ggacgggtga tgggcagatt 720
ggaaaaagca ccgcagatgg gaaccttaat ctttcttttc taaaattgat gctatgaaaa 780
tttgcgtttt ctgtaacttg taaaaactaa aagttgcccg tctactgaaa a

```

831

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 528 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

```

acgaagctga ctcttgccca ggccagcccc tggttcccta cccatacccc tgtgagcttg 60
cgcagctcac gccttacctc cctccctctg gtctgcagat ctctcacttc aagattccga 120
agtacatcgt gtttgtcaca aactaccccc tcaccatttc aggaaagatc cagaaattca 180
aacttcgaga gcagatggaa cgacatctaa atctgtgaat aaagcagcag gcctgtcctg 240
gccggttggc ttgactctct cctgtcagaa tgcaacctgg ctttatgcac ctagatgtcc 300
ccagcaccce gttctgagcc aggcacatca aatgtcaagg aattgactga acgaactaag 360
agtcctgga tgggtccggg aactcgctg ggcacaagggt gccaaaaggc aggcagcctg 420
cccaggccct ccctcctgtc catccccccac attcccctgt ctgtccttgt gatttggcat 480
aaagagcttc tgttttcttt ggctaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 528

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1027 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:44 :

```

ggctttgtcc tttgctcctg ctccccgtgg accatgggac cttaaagcgt tgcagggtcc 60
tgatttggac agaggtgtgg ggccttccag gccgttacat acctcctgcc aattctctaa 120
ctctctgaga ctgcgaggat ctccaggcag ggttctcacc tctggagtct gaccaattac 180
ttcatttttg ttcaaatggc caattgtgca gagggacaaa gccacagcca cactcttcaa 240
cggttaccaa actgtttttg gaaattcaca ccaagggtcgg gccactgca ggcagctggc 300
acacgtggcc cgaggggctg tggaacgggt cccggaactg tcagacatgt ttgattttag 360
cgtttccttt gttcttcaaa tcaggtgccc aaataagtga tcagcacagc tgcttccaaa 420
taggagaaac cataaaatag gatgaaaatc aagtaaaatg caaagatgtc cacactgttt 480
taaacttgac cctgatgaaa atgtgagcac tgtagcaga tgcctatggg agaggaaaag 540
cgtatctgaa aatgggtccag gacaggagga tgaaatgaga tcccagagtc ctcacacctg 600
aatgaattat acatgtgcct taccaggtga gtggtctttc gaagataaaa aactctagtc 660
cctttaaacg tttgcccctg gcgtttccta agtacgaaaa ggtttttaag tcttcgaaca 720
gtctcctttc atgactttaa caggattctg cccctgagg tgtaattttt ttgttctatt 780
tttttccacg tactccacag ccaacatcac gaggtgtaat ttttaatttg atcagaactg 840
ttacaaaaaa acaactgtca gttttattga gatgggaaaa atgtaaacct atttttatta 900
cttaagactt tatgggagag attagacact ggaggttttt aacagaacgt gtatttatta 960
atgttcaaaa cactggaatt acaaatgaga agagtctaca ataaattaag atttttgaat 1020
ttaaaaa
1027

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2160 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:45 :

```

acttcctcca agtgataatc cagatttttga tccagaagag gatgaaccac gcttgaggcc 60
tcttggcctc acatacagtt ggtatatgaa ttcttcttga gattttttgga gagccctgat 120
ttccagccta gcattgcaaa acgatacatt gatcagaaat tcgtacaaca gctcctggag 180
ctttttgata gtgaagatcc cagagaacgt gacttcctga agactgttct gcaccgaatt 240
tatgggaaat ttcttggatt aagagcattc atcagaaaaac aaattaacaa ctttttcctc 300
aggtttatat atgaaacaga acattttcaat ggtgttgctg aacttcttga aatattagga 360
agtattatca atggcctttgc attgccactg aaagcagaac ataaacaatt tctaatagaa 420
gttctttattc ctatgcatac tgcaaaagga ttagctttgt ttcatgctca gctagcatat 480
tgtgtgtgac agttcctgga gaaagataca acactaacag agccagtgat cagaggactg 540
ctgaaatttt ggccaaaaaac ctgcagtcag aaagagggtga tgttttttagg agaaattgaa 600
gaaatcttag atgtcattga accaacacag ttcaaaaaaa ttgaagagcc acttttcaag 660
cagatatcca agtgtgtatc cagttctcat tttcagggtg cagaaagggc attgtacttc 720
tggaataacg aatatattct tagtttgatt gaggagaaca ttgataaaat tctgccatt 780
atgtttgccg gtttgtacaa aattttccaa gaacactgga atccgaccat tgtagcactg 840
gtatacaatg tgctgaaaac cctaattgaa atgaatggca agcttttcga tgaccttact 900
agctcataca aagctgaaaag acagagagag aaaaagaagg aattggaacg tgaagaatta 960
tggaaaaaat tagaggagct aaagctaaag aaagctctag aaaaacagaa tagtgcttac1020
aacatgcaca gtattctcag caatacaagt gccgaataaa aaaaaagcct cccacctctg1080
ccggataggg agagttttgt atgctttttt gaaatatgta aaaattacaa aacaaacctc1140
atcagtataa tataattaaa aggccaattt tttctggcaa ctgtaaatgg aaaaatatat1200
ggactaaacg tagccctgtg ctgtatcatg gccatagtat attgtaacct ttgtctaatac1260
attggattta ttgtgtcact tctgaagttt cacagaaatg aatgaatttt atcatctatg1320
atatgagtga gataattatg ggagtggtaa gaattatgac ttgaattcct ctttgatttgt1380
gttgcacata gatatggtag tctgctctgt atatttttcc cttttataat gtgcttttcal1440
cactgctgca aaccttagtt acatcctagg aaaaaatact tcctaaaata aaactaagg1500
atcatcctta cccttctctt tgtctcacc cagaaatatga tgggggggaat tacctgccct1560
aaccctccc tcaataaata cattactgta ctctggaatt taggcaaac cttaaatctc1620
caggcttttt aaagcacaaa atataaataa aagctgggaa agtaaacc aaattcttcag1680
attgttcctc atgaatatcc cccttcctct gcaattctcc agagtggtaa cagatgggtal1740
gaggcagctc aggtgaatta ccagcttgc ctctcaattc attcctcctc ttctctcaal1800
aggctgaagg cagggccttt ccagtcctca caacctgtcc ttcacctagt ccctcctgac1860
ccagggatgg aggctttgag tcccacagtg tggtgataga gagcactagt tgtcactgcc1920
tggtctttatt taaaggaact gcagtaggct tcctctgtag agctctgaaa aggttgacta1980
tatagagggtc ttgtatgttt ttacttgggtc aagtatttct cacatctttt gttatcagag2040
taccattcca atctcttaac ttgcagttgt gtggaaaact gttttgtaat gaaagatctt2100
cattggggga ttgagcagca ttaataaag tctatgtttg tattttgcct taaaaaaaaa2160

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 642 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:46 :

```

cgacgggccc cgcgccctggc gcatgcgcgc cggcgaccac gcctaaatag ccgcagcctc 60
tgcgcgtcgc cctccacggt taccgccggt ctccgcccct ccttctcgcg gcgctcgagg 120
gaccatggcc gatcctcgcg tgagacagat caagatcaag accggcgtgg tgaagcggtt 180
ggtcaaagaa aaagtgatgt atgaaaaaga ggcaaaacaa caagaagaaa agattgaaaa 240
aatgagagct gaagacggtg aaaattatga cattaataag caggcagaga tcctacaaga 300
atccaggatg atgatcccag attgccagcg caggttggaa gccgcatatt tggatcttca 360
acggatacta gaaaatgaaa aagacttggg agaagctgag gaataataag aagcacgttt 420
agtactggat tcagtgaagt tagaagcctg aaacttttct cgtatggggg gggttttgca 480
ttaaatcctg ggggccattt tacaatccat tatttttgac cactgctaag tgtgggtcaag 540
gagggatgag gaattgtcga ttggtttcta gctgggttaca atataagatt cgtttgcgta 600
atttgacaat gcaaagaaaa tgggggcacc cgattaaaaa aa 642

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1415 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:47 :

```

ggcatctggc agaggggggt ggggctgggc cagctggggg agagcggagg agcgggtgcc 60
ggctgaagcg gggcgggtggg cgcggagcga atgggggcac cgacaccact cctcaccggc 120
agccgggtgc tgagggccgc ggtgtgggtg cgcggacagt cagggcgagc gtgggcagcg 180
cgcacggcct gccagcccgg ggcgccagaa tcctgcgctg cggggccgag aggggcgccc 240

```

```

cgcccgccgc agcctggagc tttccgcgaa cctcggggcg cccatgacgg cggcggcgac 300
ggctaccgtg ctcaaggagg gcgtgctgga gaagcgcagg gcggggctgc tgcagctgtg 360
gaagcggaac gctgcgtcct caccgaacgc gggctgcagg tcttcgaggc caagggcacg 420
ggcggccggc ccaaggagct cagcttcgcc cgcataaagg ccgtggagtg cgtggagagc 480
accgggcgcc acatctactt cacgctggtg accgaagggg cggcgagatc gacttccgct 540
gccccctgga agatcccggc tggaacgccc agatcacctt aggcctggtc aagttcaaga 600
accagcaggc catccagaca gtgcggggccc ggcagagcct cgggaccggg accctcgtgt 660
cctaaaccac cgggcgcacc atctttcctt catgctaccc accacctcag tgctgaggtc 720
aaggcagctt cgttggtccc tctggcttgt gggggcacgg ctgtgctcca tgtggcaagg 780
tggaaggcat ggacgtgtgg aggaggcgct ggagctgaag gaatggacga gccctgggag 840
gagggcagaa ggctacgcag ggctgaggat gaagatgcag cccctggatg gtcccagact 900
ctcaggacat gccagctca ggggcttcga gccacaggcc tggcctcata tggcatgagg 960
gggagctggc ataggagccc cctccctgct gtggtcctgc cctctgtcct gcagactgct 1020
cttagcccc tggctttgtg ccaggcctgg aggaggcag tcccccatgg ggtgccgagc 1080
caacgcctca ggaatcagga ggccagcctg gtacaaaag gagtaccag gccctggtac 1140
ccaggccac tccagaatgg cctctggact caccttgaga agggggagct gctgggccta 1200
aagcccactc ctgggggtct cctgctgctt aggtcctttt gggacccca cccatccagg 1260
ccctttcttt gcacacttct tccccacct ctacgcattc tccccccact gcggtgttcg 1320
gcctgaaggt ggtgggggtg agggggggtt tggccattag catttcatgt ctttcccaal 1380
atgaagatgc cctgcaaagg gcagtaacca caaaa

```

1415

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2949 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:48 :

```

gcgcaggcgc agtgggtgagc ggcaacatgg cgtccaggtc taagcggcgt gccgtggaaa 60
gtgggggttc gcagccgccg gatccccag tccagcgcga cgaggaagag gaaaaagaag 120
tcgaaaatga ggatgaagac gatgatgaca gtgacaagga aaaggatgaa gaggacgagg 180
tcattgacga ggaagtgaat attgaatttg aagcttattc cctatcagat aatgattatg 240
acggaattaa gaaattactg cagcagcttt ttctaaaggc tcctgtgaac actgcagaac 300
taacagatct cttaattcaa cagaaccata ttggggagtgt gattaagcaa acggatgttt 360

```



```

cagaagacag caatgatgat atggatgaag atgagggtttt tggtttcata agccttttaa 420
atttaactga aagaaagggt acccagtggt ttgaacaaat tcaagagttg gttctacgct 480
tctgtgagaa gaactgtgaa aagagcatgg ttgaacagct ggacaagttt ttaaatagaca 540
ccaccaagcc tgtgggcctt ctcttaagtg aaagattcat taatgtccct ccacagatcg 600
ctctgcccac gtaccagcag cttcagaaaag aactggcggg ggcacacaga accaataagc 660
catgtgggaa gtgctacttt taccttctga ttagtaagac atttgtggaa gcaggaaaaa 720
acaattccaa aaagaaacct agcaacaaaa agaaagctgc gttaatgttt gcaaatagcag 780
aggaagaatt tttctatgag aaggcaattc tcaagttcaa ctactcagtg caggaggaga 840
gcgacacttg tctgggaggc aaatggtctt ttgatgacgt accaatgacg cccttgcgaa 900
ctgtgatgtt aattccaggc gacaagatga acgaaatcat ggataaactg aaagaatatc 960
tatctgtcta acccatttcc aatggacagt gatgggcttg tttttgtaaa attaccagaal1020
aactcagtg agatttactg aaaaactcag actttattca gattaagttc ctctacaaaa1080
agtagggttc tgtcccatgt gtctctgaca catttaca aaataccagttt tttaaaaatt1140
tgggtcaaatt atgagtgggt gatttataaaa cttttccaag aagaagaaaa gcatggagtc1200
gtaattttaa gaactcaata aaaacttcta ttttttattt taaaataata tacacagtgt1260
tattttcttc aagaccgtcc tgtggatgtg aaatccgtct tcgcgctcatg tatctcccat1320
atccagcagt tcagccatcc agctaccttt gggaecctgc tgcaccttgt gtttgctggg1380
gagtcactgg agagtgcac tctgttcagt ttcagggcac gtctcacaca tttgctgttc1440
cttattcatt gttgacacag gggatagggt atccactact tgctgtagaa tgccttact1500
ttcactagga ggcagattac tgaaatagta ttgtggtacc agctgcataa atagttcagg1560
agagatttct gaggtaatcc tgatgtagtt gttctcagaa atgctgaatt tatggaagag1620
gaccactct ggcactctct tgggtgattga gtaaccagac aggggatgca gctgagcaac1680
ctgcttatgt gtcagcatta agtagttacc tgatccatca acatcccag caatctgcat1740
aaagtaaccg gacagaagag ctttctttat gtttagagtg ttttccttgg agccaaaagc1800
aggttctgca tagggaagct cgattcgctt gataatttct aagagttcag ctcgaaatac1860
atctgccatt ctgagtgtg aacagttgag gaagtaatca cgacaccact tttccacaca1920
gtactcactg ctagaattca gagttgtgtc ttggtaaagc ttgtaaatgc tgatgagggt1980
aaagtgatct ctttcgggat gtaaaaatgt cttccaacaa gtcaaggcag cctcttcagc2040
tccatgtggc acatgtgaaa agcaatttgg agctgttacc atggccgcga ttgttagcac2100
ttcatctaca cagtcaaatt cacaggacgc taagatagac ttcgagagtt gtggatcaag2160
aggaaactct gacatgatga ttccaaattc agaaagattt ccatcattat ccagtgtgc2220
cagataatct aagtcttcca atgcctgcat caaactttct ggtgctggtc tgttcatgaa2280
gtcacagtgg ctagggcccg caatgtctat cctcttcata aaaagcacca tgcttgtag2340
gttggttcc tgcatttctg ctggcttcag tggcgtcatg tctttggagg caaattcttc2400
agtgtacagg cagaaaaatt ttctgaaga agatgagcca agaactgtct tgcgtatctc2460
tgcttggtc tggctgatgg gctgcatgac gagcgagttt gctcttattc tcgggttga2520
cacctttct ctttcacac ccacatcgat aacaaatctg actgagttgc tccagatcaa2580
aaactctcca gagctagtag ttaacaccac tcttctttga taaacttggc atcttttttc2640
tgtttcatcg agtggcttga acaatgaaca tttctctttt ggatacaaaag gaacaaccac2700
cagttctcca agatctgggt ttaggttaga tccttgatag acagtttcac agactttctc2760
aatatcttgt tcacaggcca gaaagactac aatgtcacct ttctcaccgc agtgggtgaat2820
ttcaaagata aggcgtaaaa tagactcaaa agaatccttt tgagcctcac taaggtacac2880
aacctccaca ggggtgttat ttttcacttc tatgacaggc acgtttccat aataagaatt2940
gagtttgct

```

2949

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 665 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

```
cctagaccgcg tccggtcgca gactgtcctc cgagacgctt cctgtccggt gagcgtcgac 60
cgactgaaac ggcgggccat aatacattgc gatggcgggt aggcgtgtgg gggcggagcc 120
agggccggaa gtagagcgga ggtgggtggc gcggaggctt tggcagctcg ggactgagt 180
caagaatcag catgattctt cagaggctct tcaggttctc ctctgtcatt cggtcagccg 240
tctcagtcga tttgcggagg aacattggtg ttacagcagt ggcatTTaat aaggaacttg 300
atcctataca gaaactcttt gtggacaaga ttagagaata caaatctaag cgacagacat 360
ctggaggacc tggtgatgct agttcagagt atcagcaaga gctggagagg gagcttttta 420
agctcaagca aatgttttgt aatgcagaca tgaatacatt tcccaccttc aaatttgaag 480
atcccaaatt tgaagtcac gaaaaacccc aggcctgaag aaataaagta aaattaatct 540
ggtaatttgt cacggattag ttgtacaact agttagaagt ttcagaataa acatgcattt 600
cataactgtc aaatgttctt ttaattctga gtccaaataa attatttggt gatgttgaaa 660
aaaaa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:50 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 904 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:50 :

```

tcaccaccga gtgatgtgct gaggcctcct gcagtgaatg ctccctccat tcctgtactc 60
aggcagtgcc attcagcaca ggagagctct ttttgccttt ggctttcaat tccaaaacat 120
gatttaattt ctaactaaat tagtatggca ctagttatga agtatctgct taaaaccctt 180
catcatgata tcctgtggat ttaaaaactc taattccatg ttttcttccc atctgcctta 240
tatatctcat caccctgctt atcaatattc agtttgatga gcactattaa ctaaaatatg 300
aaacttaaaa acaaaaagcaa gttgtcctta aaagtctctt ttttaagtaa attgttgaca 360
tactgcaaat tttctatgca aacttgccctc ctgctgttat ctgtgaagct caggaaatcc 420
aaacatttgt gtttcaacaa gggacagtaa actgtgtgtt tacagccaaa agaaatgcct 480
catagttctt aacctcaact tttgtagaag tatttttttc tctgtaatat ttttattggc 540
tcataaagat gttttcatat ctgaactcct aaataagtga aattacagta gattatatta 600
acaaaatact ttttaggtag ccatgcttga gactttttaa aaatataact ttttccttaa 660
agttttcagc tatagcaaaa ggtagttatg tatgccagac ctaatatgag ctgccaccaa 720
cacccttaga actttcagcc atgggtgctt cagaattgta gcgcatttct gaatctaggc 780
aaatcctcct tttaccggtt gaatgttttg aatgccttga ctctaccagc gcccataaat 840
gatctctagg aagggctgtt aggtaccaat tctgtttttt caactttgga aggtaaaaac 900
cccg
904

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1239 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

```

cgaaggcagg cgcaaggagc aagcgcagat tgtgggcggc tgtgtcagct gacccaaggg 60
gccttcgagg tgccttaggc cgcttgccct gctctcagaa tcgctgccgc catggctagt 120
cagtctcagg ggattcagca gctgctgcag gccgagaagc gggcagccga gaagggtgtcc 180
gaggcccgcga aaagaaagaa ccggaggctg aagcaggcca aagaagaagc tcagggtgaa 240
attgaacagt accgcctgca gagggagaaa gaattcaagg ccaagggaagc tgcggcattg 300

```

```

ggatcccgtg gcagttgcag cactgaagtg gagaaggaga cccaggagaa gatgaccatc 360
ctccagacat acttccggca gaacagggat gaagtcttgg acaacctctt ggcttttgtc 420
tgtgacattc ggccagaaat ccatgaaaac taccgcataa atggatagaa gagagaagca 480
cctgtgctgt ggagtggtcat tttagatgcc ctcacgaata tgaagcttag cacagctcta 540
gttacattct tatgatatgg cattaataa tttccatata ttatataata ggtccttcca 600
ctttttggag agtagcaaat ctagtctttt tgtacagact tagaaattat ctaaagattt 660
catcttttta cctcatatct ctttaggaatt taatggttat atgttgtctt tttttcctat 720
gtcttttggc tcaagcaaca tgtatatcag tgttgacttt ttctttctta gatctagttt 780
aaaaaaaaaa aaaaccacat aacaattctt tgaagaaagg aagggattaa ataatttttt 840
tcctaacac tttcttgaag gtcaggggct ttatctatga aaaagtagta aatagttctt 900
tgtaacctgt gtgaagcagc agccagcctt aaagtagtcc attcttgcta atggttagaa 960
cagtgaatac tagtggaatt gtttgggctg cttttagttt ctcttaatca aaattactag1020
atgatagaat tcaagaactt gttacatgta ttacttgggt tatcgataat catttaaaag1080
taaagactct gtcatgcaaa ttttaaccca tatttttttt ttccctgtct ccgtgacaac1140
cagtggttct tcatttttga tcatgcaaaa tgcattctga cccagatggt ctgcagaact1200
tcacttagga cattagcaca caaatagcac acatatctt

```

1239

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:52 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 966 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

```

gccctgagga ccctagtcca acatggcggc gccagcgga ggggtggaacg gcgtcggcgc 60
gagcttgtgg gccgcgtgc tcctaggggc cgtggcgctg aggccggcgg aggcggtgtc 120
cgagcccacg acggtggcgt ttgacgtgcg gccggcgggc gtcgtgcatt ccttctccca 180
taacgtgggc ccgggggaca aatatacgtg tatgttcact tacgcctctc aaggagggac 240
caatgagcaa tggcagatga gtctggggac cagcgaagac caccagcact tcacctgcac 300
catctggagg ccccagggga agtcctatct gtacttcaca cagttcaagg cagaggtgcg 360
gggcgctgag attgagtacg ccatggccta ctctaaagcc gcatttgaaa gggaaagtga 420
tgtccctctg aaaactgagg aatttgaagt gaccaaaaca gcagtggctc acaggcccgg 480
ggcattcaaa gctgagctgt ccaagctggt gattgtggcc aaggcatcgc gactgagct 540
gtgaccagca gccctgttgc ggggtggcacc ttctcatctc cgggtgaagct gaaggggcct 600

```

```

gtgtccctga aaggccagca catcactggt tttctaggag ggactcttaa gttttctacc 660
tggtctgacg ttgccttgtc cggagggggt tgcaggggtg ctgaagccct ggggcagaga 720
acagaggggtc cagggccctc ctggctccca acagcttctc agttcccact tcctgctgag 780
ctcttctgga ctcaggatcg cagatccggg ggcacaaaaga ggggtgggaa caagtggggg 840
ctatttttgg ggaaaaaac ccatggttcc cctaactttg agccggggag tgctttaatt 900
gggcttgaaa ccttttttcc cggtttttcc ccagggggcc gtccttttaa attaaacttg 960
agaaag

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 556 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:53 :

```

taaagctgcg gcggcggttc gcgtttctcg tgtccgcttg actgacagct gcgcggcggg 60
agcgggcggc gcgagcggga ggcggcggcg cagagcttgg ggcttccttg gtcgcaccca 120
ccacctgcct gccactggt cagccttcag ggacctgag caccgccttg tctctttcct 180
gtggccagcc cagaactgaa gcgctgcggc atggcgcgcg cctgcctcca ggccgtcaag 240
tacctcatgt tcgccttcaa cctgctcttc tggctgggag gctgtggcgt gctgggtgtc 300
ggcatctggc tggccgccac acaggggagc ttcgccacgc tgcctcttc cttcccgtcc 360
ctgtcggctg ccaacctgct catcatcacc ggcgcctttg tcatggccat cggcttcgtg 420
ggctgcctgg gtgccatcaa ggagaacaag tgcctcctgc tcactttctt ccggtgctgc 480
tggttgagg ccaccatcgc catcctcttc ttcgcctaca cggacaagat tgacaggat 540
gccagcaag acctga

```

556

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:54 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1349 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:54 :

```

cgggggagtg agggagaaagg gggggccttg cggccggagg aggagtaggt gcgggtgaag 60
atggcggcag ccgaggccgc gaactgcac atggaggtgt cctgtggcca ggcgaaagc 120
agtgagaagc ccaacgctga ggacatgaca tccaaagatt actacttga ctctacgca 180
cactttggca tccacgagga gatgctgaag gacgaggtgc gcaccctcac ttaccgcaac 240
tccatgtttc ataaccggca cctcttcaag gacaaggtgg tgctggacgt cggctcgggc 300
accggcatcc tctgcatgtt tgctgccaag gccggggccc gcaaggtcat cgggatcgag 360
tgttccagta tctctgatta tgcggtgaag atcgtcaaag ccaacaagtt agaccacgtg 420
gtgaccatca tcaaggggaa ggtggaggag gtggagctcc cagtggagaa ggtggacatc 480
atcatcagcg agtggatggg ctactgcctc ttctacgagt ccatgctcaa caccgtgctc 540
tatgcccggg acaagtggct ggcgcccgat ggccctcatc tcccagaccg ggccacgtg 600
tatgtgacgg ccatcgagga ccggcagtac aaagactaca agatccactg gtgggagaac 660
gtgtatggct tcgacatgtc ttgcatcaaa gatgtggcca ttaaggagcc cctagtggat 720
gtcgtggacc ccaaacagct ggtcaccaac gcctgcctca taaaggaggt ggacatctat 780
accgtcaagg tggaagacct gaccttcacc tccccgttct gcctgcaagt gaagcggaat 840
gactacgtgc acgccctggt ggcctacttc aacatcgagt tcacacgctg ccacaagagg 900
accggcttct ccaccagccc cgagtccccg tacacgcact ggaagcagac ggtgttctac 960
atggaggact acctgaccgt gaagacgggc gaggagatct tcggcaccat cggcatgcgg 1020
cccaacgcca agaacaaccg ggacctggac ttcaccatcg acctggactt caagggccag 1080
ctgtgcgagc tgtcctgctc caccgactac cggatgcgct gaggcccggc tctcccgccc 1140
tgcacgagcc caggggctga gcgttcctag gcggtttcgg ggctccccct tcctctccct 1200
ccctcccgca gaagggggtt ttaggggcct gggctggggg gatggggagg gcacatcgtg 1260
actgtgtttt tcataactta tgtttttata tggttgcatt tacgccaata aatcctcagc 1320
tggggaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaggaa

```

1349

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2021 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:55 :

```

ctctgtctca aaagagaaaa aaaaagaaaa gtaaccttca gagattctta gaagagttgc 60
tcattcacac ccacgccctt gcccaaggct ggcccactta gagcgaaact taacttttgt 120
ctggatggga agagaagtaa gtctaccccg aggttgccat gttgaagagt gagaggtcca 180
agtgattctg tgcattgaaa ccaagacacc ccaccagaa cacttcttcc ctccctcagc 240
ccaaaccaa ggctggggtt ctcatctcca agtggctgtt ctccaacttt cccaagccgc 300
ttgcattccc cagactggac tactgtggcg gttaggttag atttgaagac ggggccagg 360
ctgggtatga acgggtgcag cctcttctc ctcttcccc ccacatctct catgagagag 420
gtagtggcat ttccttctca gggagcttca atgggaaagg tctcgaaagc ttcaggagga 480
gcagaatacc aacgcagggg gatggctgta acgatctcac cgtctcctaa cctcagtcct 540
ttttttgaga gtgaatgggg gaggttgga agggaccag atttgtagat ctctttgtct 600
gggggagggg aaggatgtgg tttgcagagc ggaagcagag tttgaaacg catgagagca 660
gagcttcgtg tgttcccacc ctcaagtagg aggtgtgagt gggtagcat gtggagttgg 720
gtgttcccac cctcagtgag gaggtgtgag tgggggtgca tatagaggca gtgcctgtctg 780
tggggtcaca actggtgcat gccagcgcca aagggacctg tctttagggg tcatttcagc 840
cagctcctcc catcacagat gacagctcca agcctagaag gggctcagtg acagggccag 900
gacaagccct caggactgtg gcctcctggc ccttggttcc cctgccccac aacatggtct 960
ccacatggct ggctggctgg ctgtccctgt gtgtgtgtga cacacggtgt gagtgcaggg 1020
ctgtgcccg gggtggaggg tgtctatgtg gcactgactg tcttagctca gagctggtgg 1080
atcctctcca tggacaatga cactttaagg attgtcttgg tttgttttcc ctatttgtgg 1140
ggtattttcc ccctcaggct cctgggtctg ctgctgcctc aagggtgcct gaccttgagg 1200
ctgatgaggg gacccctgcc tgtttcccc atactgagtt ctagggaggt gctcacccca 1260
gactcttagg aagggtctag agaaatgaga ggagcccaag ccaggggccca gctccgagaa 1320
agggtaacct ccacgcttct ctctcccaa ttggaaatga agacaggttt tcaaaggcac 1380
aggctcccc tgcagcttc taggatcttc ctgggtgtgc aatgggccag ttaggggtag 1440
gcagcttgca ccagttctc ctttatctca acttatttcc ctggggagag gtgcctagag 1500
ggattgaggt aacttcaact gggaattcca aggaagggtg gcaagtagcc ttggctctct 1560
cccaccatgt ccatcaggat tgagagtgtg tctagctccc gaccactttg tcttgacctal 1620
ctgaaaagt gggaactgag ggtgccttc attccccctt gttcactttc tccagctcaal 1680
cttgggactt ggggtggtgg actggagacc tcacccttgc tccgtcccc ccccttttct 1740
atcccaacct gtttccatgt agcagacct tcctaggagg caggagggg aagccacaga 1800
ttgcaaacc aggggtcct ttttcattct ttctaaaacc ttgatatact cagccaaaag 1860
gcgatgcccc cctgccacct ccaagcctgg aattgtgcat aaccggatc ttgtatcttt 1920
gtataacgga tgttatttgt acgaaggga gttcgtaaac agcacttgtt cttttaataa 1980
aagaatgttt tgcaaaaaa aaaaaaaaaa tccgaaaaa a

```

2021

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:56 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 900 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:56 :

```
gcgaccgcct ctactggaag tttgaccctg tgaagggtgaa ggctctggaa ggcttcccc 60
gtctcgtggtg tcctgacttc tttggctgtg cgagcctgcc aacactttcc tctgaccatg 120
gcttggtatgc cctcaggggt gctgaccctt gccaggccac gaatatcagg ctagagaccc 180
atggccatct ttgtggctgt gggcaccagg catgggactg agcccatgtc tcctcagggg 240
gatggggtgg ggtacaacca ccatgacaac tgccgggagg gccacgcagg tcgtgggtcac 300
ctgccagcga ctgtctcaga ctgggcaggg aggctttggc atgacttaag aggaaggcca 360
gtcttggtggc cgctatgcag gtcttggtgg acctggctgc cctgtctcca tccctgtccc 420
tcagggtagc accatggcag gactggggga actggagtgt ccttgctgta tccctgttgt 480
gagggttcctt ccaggggctg gactgaagc aagggtgctg gggcccatg gccttcagcc 540
ctggctgagc aactgggctg tagggcaggg ccacttcctg aggtcaggtc ttggtaggtg 600
cctgcatctg tctgccttct ggctgacaat cctggaaatc tgttctccag aatccaggcc 660
aaaaagtcca cagtcaaata gggaggggta ttcttcagtc aggagacccc aggccttggg 720
ggctgcaaca tacctcaatc ctgtcccagg ccggatcctc ctgaagccct tttcgagca 780
ctgctatcct ccaaagccat tgtaaattgt tgtagagtgt gtataaacct tcttcttctt 840
ttttttttt aaactgagga ttgtcattaa acacagttgt tttctaaaaa aaaaaaaaaa 900
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1212 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57 :

```

ggcggggcct gcgggcgga cgcggccgaa gccgcacggg agacgacgag gaggagccgg 60
aagatgcgga cgaggcgga gttccccgtg atctccgtgg tggggtacac caactgcgga 120
aagaccacgc tgatcaaggc actgacgggc gatgccgcca tccagccacg ggaccagctg 180
tttgccacgc tggacgtcac ggcccacgcg ggcacgtgc cctcacgcat gaccgtcctg 240
tacgtggaca ccatcggtt cctctcccag ctgccgcacg gcctcatcga gtccttctcc 300
gccaccctgg aagacgtggc cactcggat ctcatcttgc acgtgaggga cgtcagccac 360
cccaggcgag agtccagaaa tgcagcgttc tgtccacgct gcgtggcctg cagctgcccg 420
ccccgtcct ggactccatg gtggaggttc acaacaaggt ggacctcgtg cccgggtaca 480
gccccacgga accgaacgtc gtgcccgtgt ctgccctgcg gggccacggg ctccaggagc 540
tgaaagctga gtcgatgcg gcggttttga aggcgacggg gagacagatc ctactctcc 600
gtgtgaggct cgcaggggcg cagtcagctg gctgtataag gaggccacag ttcaggaggt 660
ggacgtgatc cctgaggacg gggcgggcga cgtgagggtc atcatcagca actcagccta 720
cggcaaattc cggaagctct ttccaggatg aacggacgcc cacagaggcc tgcgggtgg 780
gggcatcgct gcctggggag ctgaggcggt accgctgtgt tgggggcagc ttggtgtcag 840
gtgcagcagg gtctccttg tctggttctg caccgctctc gctcccagcc atttgctggg 900
atgaccgtgc aggcgggtga cacggccgca cctgcccac agcggggccg cccagcgtcc 960
actccaagcc tgagcatcca cacaattcca gtgggccctc ggtgcctgct gtgaactgct1020
ttccctcgga atgtttccgt aacaggacat taaacctttg attttacttc agtgaaaaaa1080
aatccagtt cctcctgcac ctgccgtgag ccgtggcctg gtggcaccga cggcccctcc1140
gcccggctgt ctgtgttcac agatggtctc ggtttcccat ggtggtgtcg gggaaatgac1200
gaaaaatcag gt

```

1212

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 494 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:58 :

```

ctccctaggt acaaatagcc ctgggctctg cagctccaca ggctcctggg gtggagtcca 60
aatcactcat tgtttgtgaa agctgagctc acagcaaaac aagccaccat gaagctgtcg 120
gtgtgtctcc tgctggtcac gctggccctc tgctgctacc aggccaatgc cgagttctgc 180
ccagctcttg tttctgagct gttagacttc ttcttcatta gtgaacctct gttcaagtta 240
agtcttgcca aatttgatgc cctccggaa gctgttgag ccaagttagg agtgaagaga 300
tgcacggatc agatgtccct tcagaaacga agcctcattg cggaagtcct ggtgaaaata 360
ttgaagaaat gtagtgtgtg acatgtaaaa actttcatcc tggtttccac tgtctttcaa 420
tgacaccctg atcttcactg cagaatgtaa aggtttcaac gtcttgcttt aataaatcac 480
ttgctctcca cgtc

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 729 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:59 :

```

tttttttctt tgggaagcag gagtttattt ttatcctttt gtaagtatta actcggtaat 60
cacaacaaac acggagcaat ctcaatgctg ttatccgga ggacagtctg cggggtcgtg 120
acgattcttt tcttcttgaa gtttttctt ttctgaatc tcataatgat tcttggccat 180
gattctgtct tttcaatgac tgtggcttct actcgaacaa gatcctttcc gaggagtggc 240
ttgccaagca gcgtgaagtt gtctgcccc accagcagga ccttctccag tcgaattctc 300
tctccacacg caaggtctag ttcatttcca attaagatca ggtcttcaga ggtcaccttc 360
cactggcggc tggcaaagtg caccacggca aagagcctgc catactgcc cgtgacgatc 420
atctcattca ccttcttcac gacctctgca tgggtgtctg tctcctcaac tgggtctggc 480
agaacaactt ctggccaagg tggatgaactc agggatgttt taggaacata tcctggtaga 540
tatgaagtgc tctgtgaatt gaaccttcga gaagcagacc aaaggagggc tgctccgggc 600
cccgaaggtc tcaggatgct gtggctgcac gcggacgcca gccgccctaa ggtgaccgtc 660

```

aggggaagatg ctgccatggc cgccgccatc ttcccgagc ctcggccgga aacggaaacg 720
acgcgaacc 729

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:61 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1315 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:61 :

cagaggctct	tttttaaatac	ttggggaaat	cataccact	gaggaataga	ggccagggca	60
gatcaggcct	gcgtggattg	tgggtcagct	agggagcag	aaggaggaag	acgctggaat	120
cattgtcagg	actgagaata	tgggtgtgagt	tgcttttgag	ggtggccatg	tgagcacctt	180
ggccagatta	atctctttcc	ccccctccatg	atggtggcag	gggcaggagc	tgacttcgtg	240
atgctgggtg	gcattgctggc	tgggcacagt	gagtcagggtg	gtgagctcat	cgagagggat	300
ggcaagaagt	acaagctctt	ctatggaatg	agttctgaaa	tggccatgaa	gaagtatgct	360
gggggcgtgg	ctgagtacag	gtatgtgtgg	aggcccagga	gcttagtaat	agtatggagg	420
cagaactcat	ggctgctgag	agggggatgg	tacagttctc	agagaagcat	ggtgaaccgg	480
ggctcaatgc	tagggctctgt	ggaaaagtcc	ctgggcttaa	ggaatccaga	aggagaagat	540
aataaagt	ttcctacttt	aagagcctca	gagggaaaga	cagtgggaagt	tccttttaaa	600
ggagatgtgg	aacataccat	ccgagacatc	ctaggaggga	tccgctctac	gtgtacctat	660
gtgggagcag	ctaagctcaa	agagttgagc	aggagaacta	ccttcatccg	agtcacccag	720
caggtgaatc	caatcttcag	tgaggcgtgc	tagacctgag	cagttctacc	ctcccaaggc	780
accagtactc	taccatgggg	catcccaagt	ggggtcctca	cccatccag	ctactgcagc	840
tctgtattac	tttgtcattt	cctgtttgtct	cactcctgag	ggctcctgca	gtaactctgt	900
acttctctat	ctgcacacac	aaaatgccca	aggcactcac	tggggaggaa	gcaaggaagc	960
aaacagtctg	agaaaatgat	gcaagaaaat	caaattgggaa	tctggggacc	caacacaaca	1020
tcctgaagat	tattaaaagg	aaaagatgct	gattgggtaca	taaattctttt	acatggcctt	1080
ggcttagagg	aggcaggctt	ttagaatcat	gttttggttaa	tccgcttcac	taaattggac	1140
cttcacatat	ctaaaaagct	ctgaagtgtt	tgtatatttg	aaataacctca	ataaagagag	1200
agctcattga	ctgtaaaaaa	aaaaaaaaaa	aattctgtac	aaggctagca	tctgggtgct	1260
gctgcagagt	gggtgggtgg	agggtcagca	ctgaccagct	gggtcaaga	acaat	1315

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2011 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:62 :

```

tagaatattc atgtgagttc attcctccct gctgagattg ttcagctcct ccttccctgc 60
tataccgact ggacttgaac actaagtctt caatagctga gattctccat cttaatctac 120
ttggaggcaa gagcagattg gttgtttcat tatggatgga ggggatgatg gtaaccttat 180
tatcaaaaag aggttttgtgt ctgaggcaga actagatgaa cggcgcaaaa ggaggcaaga 240
agaatgggag aaagttcgaa aacctgaaga tccagaagaa tgtccagagg aggtttatga 300
ccctcgatct ctatatgaaa ggctacagga acagaaggac aggaagcagc aggagtacga 360
ggaacagttc aaattcaaaa acatggtaag aggccttagat gaagatgaga ccaacttcct 420
tgatgaggtt tctcgacagc aggaactaat agaaaagcaa cgaagagaag agaactgaa 480
agaactgaag gaatacagaa ataacctcaa gaaggttggg atttctcaag agaacaagaa 540
ggaagtggaa aagaaactga ctgtgaagcc tatagaaacc aagaacaagt tctcccaggc 600
gaagtgttgg caggagctgt gaagcataag agctcagaga gtggcaacag tgtgaaaaga 660
ctgaaaccgg accctgagcc agatgacaag aatcaagagc cctcatcctg caagtctctc 720
ggaaacacct ccctgagtgg cccctccatc cactgcccct ctgctgcagt atgtatcggc 780
atcctcccag gcctgggtgc ctactctggg agcagcgact ccgagtccag ctgagacagc 840
gaaggcacca tcaatgccac cggaaagatt gtctcctcca tcttccgaac caacaccttc 900
ctcgaggccc cctagtttct ccgtccctac acaggagct cctccccaag ggtagatcgg 960
accgttcatg ctgcctatag gcattatgtc cctcaaaaaa aaactccttt gcctgcatcc1020
tgtgtacaac atgacatttt taaccaatcc aatctaaaaa tgtgccagaa tccacctgtg1080
gcccgaatcg tgtttgggtc ctctttctac tccactgcag atgaccaaac ctgtcccgtt1140
gccactttcc tcactgatat tgggaggagg gcaaggccca gccgaagttc cactaaaaat1200
gccccaggag aataggcacc ggctggcttg ccaaagggtt tgggttttat tgccttctgt1260
tttttctttt cccgacagca caaagaagta agggcagtta ttggacaggt gttatttaaa1320
cattctattg taaatgaatg tgttgtttgg ttctactgca ttgtggagca tgcgggggaa1380
gagaactgac ccaggtaatg aaatggagcc cttccctgga actaaccagt ccttgatgtt1440
gtgtgactaa gtaaagatga taaaccccat ctgctggggg tgtcacttca cactcgcat1500
gcattgtgaa agctttccat acccttggcc attccctctc tcctctctct ccaaccccat1560

```

```

ttatgcagga agggactgct aacaagaacg cttccatctc aaaccttttc tctgcctggg1620
aaattatttt atgtttgttt ttgaaataaa ggatttagtt taagattcta aatttttagag1680
aaacaaacgt aggccttggt tactaatagc cagacatcag aactgcaggt aggtatgtta1740
atgagatgac ttatttctgg cagctcctgg aatcctaata ttgtaaataa gtgggacaca1800
cttgcatatt gtgaccattc tattgaggcc cttctctggt taatgcatat tatacttgtg1860
cttttaactg tggaatctat ttctaacctt aagggtgctgc cctagtactt ttcttttgc1920
gcctctgctg ctctttttcc ttttccaaac agcaaactct gaggccatga gcagccaaaa1980
actagaggta ctgctccacc tcgtctcata a

```

2011

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:63 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2009 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:63 :

```

aggggggata gaagggacag gggatcgaga aagagagaaa gaaaatgaga gaggtagaag 60
acgagatcgt gactatgata aggaaagagg aaatgaacga gaaaagaaaag gtccaaggaa 120
cagagaagta ggggagaggt agaagagaag aacataaaag aagacaaaaga tgataggcgg 180
cacagagatg acaaaagaga ttccaagaaa gagaaaaaac acagtagaag cagaagcaga 240
gaaaggaaac acagaagtag gagtcgaagt agaaatgcag ggaaacgaag tagaagtaga 300
agcaaagaga aatcaagtaa acataaaaat gaaagtaaag aaaaatcaaa taaacgaagt 360
cgaagtggca gtcaaggaag aactgacagt gttgaaaaat caaaaaaacg ggaacatagt 420
cccagcaaag aaaaatctag aaagcgtagt agaagcaaag aacgttccca caaacgagat 480
cacagtgata gtaaggacca gtcagacaaa catgatcgct gaaggagcca aagtatagaa 540
caagagagcc aagaaaaaca gcataaaaac aaagatgaga ctgtgtgaaa atattttgta 600
aaagtggatc acattgaatc ctataaatga ttaaactctgc ttttttcccc cacgttgaga 660
ttgtgcagta gttcgactc ctcaagctct ccctgtaggc tgcattttca tttcctcttt 720
cgtgtaggga agtgcccttg taattccatt tattgcattg gtgttttcac ccaattgtta 780
agtttgatac atgatgcaca gattgttctt gcatttttat tgtttgtttt tgaaatgtac 840
agtctgtaca tatgtcctga aaatgtttta attccttttg catggttgcc atgttggtta 900
aatttgatata aggcaataaa ctgccactaa tctatttttg ttttgtaggt gtgggattat 960
ggtttgtgta ctgaagttag catggctgtg cttttcgtaa tagaatgcta aagactttga1020
gaatggatct tggatgtcta ttataggaga agtatgtgct gccaatgtac aagaaggcag1080
cattgtagga ttaacattct tgtctactgt atattatctt ggaaggctct tgtaatatg1140

```

```

ttacacttaa tattctccac agttaccttt agagagaatt tatgagaagt tagtttctga1200
tgcagaggtt tttaggctgt gatttcatca aaagtccttt tagcattcta cctcaaagg1260
acacttagta tgcctaaaat ttattcactt agttttcctt ttttatttga aaaaatacat1320
gacatgtaat ctttttttct tgaattcttt ctcagatttt aaagtactat attaaagaaa1380
aaaattaatg tctaaagcct agcattcttg cagaacccta tactaacatg taatggggag1440
agggtggggc agatgagtag agaaacagat tcaagcctca agcttccaaa gcatttttat1500
aaatggaaaa tccttaaatt atgaaacagc ttgatatagt gtcctttttt taaaattcag1560
aacttttttt attgataatg gagattgctg tttgagtttt taaacttaat ctagaacaga1620
ggagtattaa aagtaatgct gtgctgcatt atttaagact atcagcaa at ttttgatag1680
attgttctta caacttgtat tctgattaca gaaccatcat gagtgtggaa taaatactgg1740
attaaatcct ttatcctggg tcttggtctt tccccattt gttaaatttt tttagcatat1800
ttatattgtg gaaattgatg aaacgtcagt agagtcacac tttgtgtaca gggatgtctt1860
agtgcccaga tgacaagtga attttgaga aatgcataga ctgggattgg gcatgtggta1920
atcaataatc tttattagaa tacttgataa tggcagttcc ctttgtcagt ggttggtaca1980
tgtgtcattt gattactttg ttccatgtc

```

2009

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:64 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2269 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:64 :

```

gcctggccct tgcagagaag gccagctggt tgggggaaca gccccagttc tggtcgaaga 60
gcaggttctg gactggatca gctaccaagt ggagaagaac aagtacgacg caagcgccat 120
tgacttctca cgatgtgaca tggatggcgc caccctctgc aattgtgccc ttgaggagct 180
gcgtctggtc tttgggcctc tgggggacca actccatgcc cagctgagag acctcacttc 240
cagctcttct gatgagctca gttggatcat tgagctgctg gagaaggatg gcatggcctt 300
ccaggaggcc ctagaccagc ggccctttga ccagggcagc ccctttgccc aggagctgct 360
ggacgacggt cagcaagcca gcccctacca cccgggcagc tgtggcgagc gagccccctc 420
ccctggcagc tctgacgtct ccaccgcagg actggtgctt ctggagctc ccactcctca 480
gactccggtg gaagtgacgt ggacctggat cccactgatg gcaagctctt cccagcgat 540
ggttttcgtg actgcaagaa gggggatccc aagcacggga agcggaacg aggccggccc 600
cgaaagctga gcaaagagta ctgggactgt ctcgagggca agaagagcaa gcacgcgccc 660

```

```

agaggcacc acctgtggga gttcatccgg gacatcctca tccaccgga gctcaacgag 720
ggcctcatga agtgggagaa tcggcatgaa ggcgtcttca agttcctgcg ctccgaggct 780
gtggcccaac tatggggcca aaagaaaaag aacagcaaca tgacctacga gaagctgagc 840
cgggccatga ggtactacta caaacgggag atcctggaac ggggtgatgg ccggcgactc 900
gtctacaagt ttggcaaaaa ctcaagcggc tggaaggagg aagaggttct ccagagtcgg 960
aactgagggt tggaactata cccgggacca aactcacgga cactcgagg cctgcaaacc1020
ttcctgggag gacaggcagg ccagatggcc cctccactgg ggaatgctcc cagctgtgct1080
gtggagagaa gctgatgttt tgggtgtattg tcagccatcg tcctgggact cggagactat1140
ggcctcgcc cccaccctc ctcttggaa tacaagccct ggggtttgaa gctgacttta1200
tagctgcaag tgtatctcct tttatctggt gcctcctcaa acccagtctc agacactaaa1260
tgcagacaac accttctcct tgcagacacc tggactgagc caaggaggcc tggggaggcc1320
ctaggggagc accgtgatgg agaggacaga gcaggggctc cagcaccttc tttctggact1380
ggcgttcacc tccctgctca gtgcttgggc tccacgggca ggggtcagag cactccctaa1440
tttatgtgct atataaatat gtcagatgta catagagatc tattttttct aaaacattcc1500
cctccccact cctctccac agagtgtctg actgttccag gccctccagt gggctgatgc1560
tgggaccctt aggatggggc tcccagctcc tttctcctgt gaatggaggc agagacctcc1620
aataaagtgc cttctgggct ttttctaacc tttgtcttag ctacctgtgt actgaaattt1680
gggccttttg atcgaatatg gtcaagaggt tggaggggag gaaaatgaag gtctaccagg1740
ctgaggggtga gggcaaaggc tgacgaagag gggagttaca gatttcctgt agcagggtgt1800
ggcttacaga cacatggact gggctgggag gcgagcaaag gaagcagctg agactgttgg1860
agaacgctta caagacttca tgcaagcaag gacatgaact cagaacactg aggtcagaag1920
catcctgctg tcatgacacc gctcgagtga ccttgacctt gaccaagtct gtctgtttta1980
ggactgattt ttctatttag gctagggttt ggacctgatg ttctcaagat gtctagaatt2040
gcatggctgg cttgtggaa tagatggttt tgcatccag ccaagtgtgc tgtaaaactgt2100
atatctgtaa tatgaatccc agcttttgag tctgacaaaa tcagagttag gatcttgtaa2160
aggtggagat gagtacttgc tgagaaaaga tgggggaagg agttggcatt tgttgaaagt2220
atagtctttt tctctggggg tttttaattg caacttttac tttagattt 2269

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:65 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1874 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:65 :

```

caaaaaaacc tcttaatat ctggagtcac cattcccttc gacagcattt tcctctgctt 60
tgaaagcccc agaaatcagt gttggccatg atgacaacta cagaaaaacc agaggcagct 120
tctttgccaa gacctttcaa agccatttta ggctgttagg ggcagtggag gtagaatgac 180
tccttggtta ttagagtttc aacctgaag tctctaacia tgtattttct tcacctctgc 240
tactcaagta gcatttactg tgtctttggt ttgtgctagg cccccgggtg tgaagcacag 300
accccttcca ggggtttaca gtctatttga gactcctcag ttcttgccac tttttttttt 360
aatctccacc agtcattttt cagacctttt aactcctcaa ttccaacact gatttcccct 420
tttgcatctt ccctccttcc ctcccttgta gccttttgac ttctattgga aattaggatg 480
taaactctgct caggagacct ggaggagcag aggataatta gcatctcagg ttaagtgtga 540
gtaactctgag aaacaatgac taattcttgc atattttgta acttccatgt gagggttttc 600
agcattgata tttgtgcatt ttctaataac agatgagggt gtatcttcac gtagaacatt 660
ggtattcgct tgagaaaaaa agaatagttg aacctatttc tctttcttta caagatgggt 720
ccaggattcc tcttttctct gccataaatg attaatataa tagcttttgt gtcttacatt 780
ggtagccagc cagccaaggc tctgtttatg cttttggggg gcatatattg gggtccattc 840
tcacctatcc acacaacata tccgtatata tcccctctac tcttacttcc cccaaattta 900
aagaagtatg ggaaatgaga ggcatttccc ccaccccat tctctcctca cacacagact 960
catattactg gtaggaactt gagaacttta tttccaagtt gttcaaactt ttaccaatca 1020
tattaataca atgatgctat ttgcaattcc tgctcctagg ggaggggaga taagaaaccc 1080
tcactctcta caggtttggg tacaagtggc aacctgcttc catggccgtg tagaagcatg 1140
gtgccttggc ttctctgagg aagctggggg tcatgacaat ggcagatgta aagttattct 1200
tgaagtcaga ttgaggctgg gagacagccg tagtagatgt tctactttgt tctgctgttc 1260
tctagaaaaga atatttggtt ttcctgtata ggaatgagat taattccttt ccagggtatt 1320
tataattctg ggaagcaaaa cccatgcctc cccctagcca tttttactgt tatcctattt 1380
agatggccat gaagaggatg ctgtgaaatt cccaacaaac attgatgctg acagtcatgc 1440
agtctgggag tggggaagtg atcttttggt cccatcctct tcttttagca gtaaaatagc 1500
tgagggaaaa gggggggaag aggaagtatt gggaatacct gtggtggttg tgatccctag 1560
gtcttgggag ctcttggagg tgtctgtatc agtggatttc ccatccccctg tgggaaatta 1620
gtaggctcat ttactgtttt aggtctagcc tatgtggatt ttttcctaac atacctaaag 1680
aaaccagtg tcaggatggt aattcttatt ctttcgttca gttaagtatt tcccttcata 1740
tgggcactga agggatatgt gaaacaatgt taacattttt ggtagtcttc aaccagggat 1800
tgtttctgtt taacttctta taggaaagct tgagtaaaat aaatattgtc tttttgtatg 1860
tcaaaaaaaa aaaa

```

1874

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:66 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 687 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:66 :

```

gggccaagtg cccagtcag gagctgccta taaatgccga gcctgcacag ctctggcaaa 60
cactctgtgg ggctcctcgg ctttgacaga gtgcaagacg atgacttgca aaatgtcgca 120
gctggaacgc aacatagaga ccatcatcaa caccttcac caatactctg tgaagctggg 180
gcacccagac accctgaacc agggggaatt caaagagctg gtgcgaaaag atctgcaaaa 240
ttttctcaag aaggagaata agaatgaaaa ggcatagaa cacatcatgg aggacctgga 300
cacaaatgca gacaagcagc tgagcttcga ggagttcatc atgctgatgg cgaggctaac 360
ctgggcctcc cagcagaaga tgcacgaggg tgacgagggc cctggccacc accataagcc 420
aggcctcggg gagggcacc cctaagacca cagtggccaa gatcacagtg gccacggcca 480
cggccacagt catggtggcc acggccacag ccactaatca ggaggccagg ccaccctgcc 540
tctacccaac cagggcccg gggcctgtta tgtcaaaactg tcttggtgtg ggggctaggg 600
gctggggcca aataaagtct cttcctccaa gtcagtgtct tgtgtgcttc ttccaccttt 660
ctgcaagcct gcctttccag ggggtgtg
687

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1528 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:67 :

```

gagcaacgct ggagcatccc gctctgggtg cgctgcagcc ggcagagatg gttgagctca 60
tggtcccgcgt gttgtcctc cttctgccct tccttctgta tatggctgcg ccccaaatca 120
ggaaaatgct gtccagtggg gtgtgtacat caactgttca gcttcctggg aaagtagttg 180
tggtcacagg agctaataca ggtatcggga aggagacagc caaagagctg gctcagagag 240
gagctcgagt atatttagct tgccgggatg tggaaaaggg ggaattgggtg gccaaagaga 300
tccagaccac gacaggggaa cagcaggtgt tgggtgcggaa actggacctg tctgatacta 360
agtctattcg agcttttgct aagggcttct tagctgagga aaagcacctc cacgttttga 420
tcaacaatgc aggagtgatg atgtgtccgt actcgaagac agcagatggc tttgagatgc 480
acataggagt caaccacttg ggtcacttcc tcctaaccce tctgctgcta gagaaactaa 540

```

```

aggaaatcagc cccatcaagg atagtaaatg tgtcttccct cgcacatcac ctgggaagga 600
tccacttcca taacctgcag ggcgagaaat tctacaatgc aggcctggcc tactgtcaca 660
gcaagctagc caacatcctc ttcacccagg aactggcccg gagactaaaa ggctctggcg 720
ttacgacgta ttctgtacac cctggcacag tccaatctga actggttcgg cactcatctt 780
tcatgagatg gatgtggtgg cttttctcct ttttcatcaa gactcctcag cagggagccc 840
agaccagcct gcaactgtgc ttaacagaag gtcttgagat tctaagtggg aatcatttca 900
gtgactgtca tgtggcatgg gtctctgccc aagctcgtaa tgagactata gcaaggcggc 960
tgtgggacgt cagttgtgac ctgctgggcc tccaataga ctaacaggca gtgccagttg1020
gacccaagag aagactgcag cagactacac agtacttctt gtcaaatga ttctccttca1080
aggttttcaa aaccttttagc acaaagagag caaaccttc cagccttgcc tgcttgggtg1140
ccagttaaaa ctcaagtgtac tgccagattc gtctaaatgt ctgtcatgtc cagatttact1200
ttgcttctgt tactgccaga gttactagag atatcataat aggataagaa gaccctcata1260
tgacctgcac agctcatttt ctttctgaaa gaaactacta ctaggagaa tctaagctat1320
agcagggatg atttatgcaa atttgaacta gcttctttgt tcacaattca gttcctccca1380
accaaccagt cttcacttca agagggccac actgcaacct cagcttaaca tgaataacaa1440
agactggctc aggagcagg cttgccaagg catggtggat caccggagtc aagtagttca1500
agaccagcct ggccaacatg gtgaaacc

```

1528

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71 :

- (A) LÄNGE: 212 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

```

RDTVVGDGTE RSVTASRASA PRPWSQTDSD DSDSEGGAGG GEADMDFLRN LFSQTLNLSGS 60
QKERLLDELT LEGVARYMQS ERCRRVICLV GAGISTSAGI PDRSPSTGL YDNLEKYHLP 120
YPEAIFEISY FKKHPEPFFA LAKELYPGQF KPTICHYFMR LLKDKGLLLR CYTQNIIDTLE 180
RIAGLEQEDL VEAHGTFYTS HCVRPSAGTN TR

```

212

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

- (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

SLNTAFSNVL HKNRILATQL LSLSVIILP

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:73 :

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

QSQNDFTTDS LESLGAEFRK IPTSMKAKRS TKPSSCPRRY ESAHPSMATT STQPLVRKPW 60
ATSLKTQTKN H 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

SNLVYVLSLH FPFVSFYLKG RPRSVLSYCH IGSKMSTHSL APNH

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

- (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

ATSFMSYLCI FLYSAIFLKE GPGLYYPTAT

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDTASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60
NSGDKKAEER AKIIFAIDQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77 :

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

GAEGRQEAQ GSRKESYSVY VYKVLKQVHP DTGISSKAMG IMNSFVNDIF ERIAGEASRL 60
AHYNKRSTIT SREIQTAVRL LLPGELAKHA VSEGTKAVTK YTSK 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(A) LÄNGE: 221 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

GSGGNHSVCC DTMEGGGGSG NKTTGGLAGF FGAGGAGYSH ADLAGVPLTG MNPLSPYLVN 60
DPRYLVDQTD EFILPTGANK TRGRFELAFF TIGGCCMTGA AFGAMNGLRL GLKETQNMW 120
SKPRNVQILN MVTRQALWA NTLGSLALLY SAFGVIIKT RGAEDDLNTV AAGTMTGMLY 180
KCTGGLRGIA RGGLTGLTLT SLYALYNNWE HMKGSLLQQS L 221

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79 :

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

DNRTLTKGPD TVSTMGQCRS ANAEDAQEF S DVERAIETLI KNFHQYSVEG GKETLTPSEL 60
RDLVTQQLPH LMPNCGLEE KIANLGSCND SKLEFRSFEW LIGEAASVK LERPVRGH 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

ASRGAEQDGG ASAARPRRW AGLLQRAAP CSLLPRLRTW TSSSNRSRED SWLKSLEFVRK 60
VDPRKDAHSN LLAKKETSNI YKLQFHNKVP ECLEAYNKIC QEVLPKIHED KHYPCTLVGT 120
WNTWYGEQDQ AVHLWRYEGG YPALTEVMNK LRENKEFLEF RKARSDMLLS RKNQLLEFS 180
FWNEPVPRSG PNIYELRSYQ LRPGMTIEWG NYWARAIRFR QDGNEAVGGF FSQIGQLYMV 240
HHLWAYRDLQ TREDIRNAAW HKHGWEELVY YTVPLIQEME SRIMIPLKTS PLQ 293

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

MAARALCMLG LVLALLSSSS AEEYVGLSAN QCAVPAKDRV DCGYPHVTPK ECNNRGCCFD 60
 SRIPGVPWCF KPLQEAECTF 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

MDVFLMIRRH KTTIFTDAKE SSTVFELKRI VEGILKRPPD EQRLYKDDQL LDDGKTLGEC 60
 GFTSQARPQ APATVGLAFR ADDTFEALCI EPFSSPPELP DVMKPQDSGS SANEQAVQ 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:84 :

- (A) LÄNGE: 195 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

MGRARDAILD ALENLTAEEL KKFKLKLLSV PLREGYGRIP RGALLSMDAL DLTDKLVSYF 60
 LETYGAEITA NVLRDMGLQE MAGQLQAATH QGSGAAPAGI QAPPQSAKP GLHFIDQHRA 120
 ALIARVTNVE WLLDALYGVK LTDEQYQAVR AEPTNPSKMR KLFSFTPawn WTCKDLLLQA 180
 LRESQSYLVE DLERS 195

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

RMSSTRQCGP SPPTQARCGS SSVSHQPGTG PARTCSSRP

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

- (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

WSGAEAPSQQ HSGQPLAIPP NHPESDLFIH NIRKASL

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

GESRFRPGAD FLLVGGCSGV SGGSGRGSWS HGARARRHPG CAGEPDRRGA QEVQAEAAVG 60
AAARGLRAHP AGRAAVHGRL GPHRQAGQLL PGDLRRRAHR 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

PGLAAGLATL LLPSPRAAS LVCAPVAGRR PLCQLELRGL TRHYVAGFGR ATRAGQEPNP 60
SRP 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:89 :

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

GIGCGPRDPP ASLPAPRRLS GLCARRRSQA SLSAGVARAD APLCSGFRAG HACGTGTQPQ 60
PTLSSRSSSL TSAEVQLPQF LAQVDNYRHK PLKLECPVAG ISIDLSQLSL QLQ 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

HASGQDTASM AASKVKQDMP PPGGYGPIDY KRNLPRRGLS GYSMLAIGIG TLIYGHWSIM 60
KWNRRRRRLQ IEDFEARIAL LPLLQAETDR RTLQMLRENL EEEAIIMKDV PDWKVGESVF 120
HTTRWVPPLI GELYGLRTTE EALHASHGFM WYT 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

SLALDQMAY KALDTSSLVG EQVTSYLTKK FAELRSPNEF KVYMGHGGKP WVSDFSHPHY 60
LAGRRAMKT V FGVEPDLTRE GGSIPVTLTF QEATGKNVML LPVGSADDGA HSQNEKLNRY 120
NYIEGTMKLA AYLIEVSQK D 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

KMYKFVVFY VLIILRLGL RLIFRKILHA IRSKFYCGS

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93 :

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

SFQALKFIIR SVRLRRGRSY NIPCQICYHL LAFSFHLRIE HNYFYCSYIA CQIKSFYTTKG 60
V 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

- (A) LÄNGE: 284 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

```
FVRESSSGSR WEVGAGAAVA AFSPQVGTM R PAALRGALLG CLCLALLCLG GADKRLRDNH 60
EWKKLIMVQH WPETVCEKIQ NDCRDPPDYW TIHGLWPDKS EGCNRSWPFN LEEIKDLLPE 120
MRAYWPDVIH SFPNRSRFBK HEWEKHGTCA AQVDALNSQK KYFGRSLELY RELDLNSVLL 180
KLGIKPSINY YQVADFCDAL ARVYGVIPKI QCLPPSQDEE VQTIGQIELC LTKQDQQLQN 240
CTEPGEQPSP KQEVWLANGA AESRGLRVCE DGPVFYPPPK KTKH 284
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```
QKRSFLEASA MEFSIIREIG QTSPKWSEFL NPGRELTLLS SLDLIGHWAL VRPQTRPVSP 60
VGF 63
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96 :

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

SFCLVVLHGL GLKIIPKIHQL TNENVSLCAT LPPAQSEFGT QKRTVYTTHL SPSMYSLWA 60
DAPIHGNPLT HFKT 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

FRRYTSSQMK TSASAPPSLL PKVNLVLRKE LFIPLTFLPA CTHCGQMHQY MVILLILRR 60
RKLNILL 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

CHLNLTMFLG WSQLEFRVPVC VISSAGWLSS ELLEIFTHAS ANHFEQGCLL VDDLLFFMTG 60
ISGICFLAVF STFLPPW 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99 :

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```
TAAAAAMAPP WVPAMGFTLAP SLGCFVGSRF VHGEGLRWYA GLQKPSWHPP HWVLGPVWGT 60
LYSAMGYGSY LVWKELGGFTE KAVVPLGLYT GQLALNWAWP PIFFGARQMG WALVDLLLVS 120
GAAAALPWPGR TR 132
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:100 :

- (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

```
AAGRGGADAG TAAWLTPARQ CPSRSVPSPL SSPEQQLQQP WPRPGCPPWA SRWRPAWGAS 60
WAPALSTARV SAGTPACRSP RGTRPTGCWA LSGARSTQPW GTAPTWSGKS WEASQRRLWF 120
PWASTLGSWP 130
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

- (A) LÄNGE: 186 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

RPFIRAFACS KMAAVSMSVV LRQTLWRRRA VAVAALSVSR VPTRSLRTST WRLAQDQTQD 60
TQLITVDEKL DITTLTGVP EHIKTRKVRI FVPARNMQS GVNNTKKWKM EFDTRERWEN 120
PLMGWASTAD PLSNMVLTFS TKEDAVSFAE KNGWSYDIEE RKVPKPKSKS YGANFSWNKR 180
TRVSTK 186

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

QLTRLLQPAL GPGTTAVLLL QISTRPEDLG ETVCSLKPAD RVGQVELGPA RRRRVPRSSG 60
TPSSLSTDTP LTGTPCTPTP SPGSPPCPSP DNGSGSALAP AEGLPL 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(A) LÄNGE: 308 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

GSRPFTNPAR KDGAMFFHWR RAAEEGKDYP FARFNKTVQV PVYSEQEYQL YLHDDAWTKA 60
ETDHLFDLSR RFDLRFVVIH DRYDHQQFKK RSVEDLKERY YHICAKLANV RAVPGTDLKI 120
PVFDAGHERR RKEQLERLYN RTPEQVAEEE YLLQELRKIE ARKKEREKRS QDLQKLITAA 180
DTTAEQRRTE RKAPKKKLPO KKEAEKPAVP ETAGIKFPDF KSAGVTLRSQ RMKLPSSVGQ 240
KKIKALEQML LELGVELSPT PTEELVHMFN ELRRTWCCST SSSRPVPTAS MSCRCCGTVM 300
RHWPGLVLC 308

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- (A) LÄNGE: 388 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

IVPFIPCSPE VQSILKISQP QEPELMNANP SPPSPSQOI NLGPSSNPHA KPSDFHFLKV 60
IGKGSFGKVL LARHKAEVVF YAVKVLQKA ILKKKEEKHI MSERNVLLKN VKHPFLVGLH 120
FSFQTADKLY FVLDYINGGE LFYHLQRERC FLEPRARFYA AEIASALGYL HSLNIVYRDL 180
KPENILLDSQ GHIVLTDFGL CKENIEHNST TSTFCGTPEY LAPEVLHKQP YDRTVDWWCL 240
GAVLYEMLYG LPPFYSRNTA EMYDNILNKP LQLKPNITNS ARHLLEGLLQ KDRTKRLGAK 300
DDFMEIKSHV FFSLINWDDL INKKITPPFN PNVSGPNDLR HFDPEFTEEP VPNSIGKSPD 360
SVLVTASVKE AAEAFLGFSY APPTDSFL 388

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

```
TDSERGDPS E QTRPWRPPCA LTMAMHFIFS DTAVLLFDFW SVHSPAGMAL SVLVLLLLAV 60
LYEGIKVGKA KLLNQVLVNL PTSISQQTIA ETDGDSAGSD SFPVGRTHHR WYLCHFGQSL 120
IHVIQVVIGY FIMLAVMSYN TWIFLGVVLG SAVGYLAYP LLSTA 165
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(A) LÄNGE: 478 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

```
GLPLGITVPV ARETITSLFN KSSVIGPPLR LILKAQVTRG NLCCPVTVTM QLRNPELHLG 60
CALALRFLAL VSWDIPGARA LDNGLARTPT MGWLHWERFM CNLDCQEEP SCISEKLFME 120
MAELMVSEGW KDAGYEYLCI DDCWMAPO RD SEGR LQADPQ RFPHGIRQLA NYVHSKGLKL 180
GIYADVGNKT CAGFPGSFGY YDIDAQTFAD WGV DLLKFDG CYCDSLENLA DGYKHMSLAL 240
NRTGRSIVYS CEWPLYMWPF QKPNYTEIRQ YCNHWRNFAD IDDSWKS IKS ILDWT SFNQE 300
RIVDVAGPGG WNDPDLVIG NFGLSWNQQV TQMALWAIMA APLFMSNDLR HISPQAKALL 360
QDKDVIAINQ DPLGKQGYQL RQGDNFEVWE RPLSGLAWAV AMINRQEIGG PRSYTIAVAS 420
LGKGVACNPA CFITQLLPVK RKLGFYEWTS RLRSHINPTG TVLLQLENTM QMSLKDLL 478
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107 :

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

ESLLLTLDLE KPVSLLLSVT NLYSKNSAQF STILQTLSEF ATFTPPSPSIP LSSAYFFFFS 60
DRVSLCRPGR SAVAQSWGSL QASTSQRASD HHASAPQVGW GLTRRHITTA GLIFC 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

TKLTPGQASP WFPHTPVSL RSSRLTSLPL VCRSLTSRFR STSCLSQTTP SPFQERSRNS 60
NFESRWNDI 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109 :

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

MSPAPSSEPG TSNVKELTER TKSSWMGPGT RLGTRCQKAG SLPRPSLLSI PHIPLSVLVI 60
WHKELLFSLA KKKKKKKK 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

FFFFFFFFLAK ENRSSLCQIT RTDRGMWGMD RREGLGRLPA FWHLVPRRVP GPIQELLVRS 60
VNSLTFDVPG SELGAGDI 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

LSETARISRQ GSHLWSLTNY FILLQMANCA EGQSHSHTLQ RLPNCFWKFT PRSGPLQAAG 60
TRGPRGCGTG PGTVRHV 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

PITSFCFKWP IVQRDKATAT LFNGYQTVFG NSHQGRAHCR QLAHVARGAV ERVPELSDMF 60
DFSVSFVLQI RCPNK 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

DCEDLQAGFS PLESDQLLHF ASNGQLCRGT KPQPHSSTVT KLFLEIHTKV GPTAGSWHTW 60
PEGLWNGSRN CQTCLILAFP LFFKSGAQIS DQHSFCQIGE TIK 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(A) LÄNGE: 134 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

IAAASARRPP RLPRLSAPPS RGARGTMADP RVRQIKIKTG VVKRLVKEKV MYEKEAKQQE 60
 EKIEKMRAED GENYDIKKQA EILQESRMMI PDCQRRLEAA YLDLQRILEN EKDLEEAEEY 120
 KEARLVLDV KLEA 134

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

- (A) LÄNGE: 171 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

SGAVGAERMG APTPLLTGSR VLRAAVVVRG QSGRRWAART ACQPGAPESC AAGPRGAPRP 60
 PQPGAFREPR GAHDGGGDGY RAQGGGRAGEA QGGAAA AVEA ERCVLTERGL QLFEAKGTGG 120
 RPKELSFARI KAVECVESTG RHIYFTLVTE GAARSTSAAP WKIPAGTPRS P 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116 :

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

AWSSSRTSRP SRQCGPGRAS GPGPSCP KPP GAPSFLHATH HLSAEVKAAS LFPLACGGTA 60
 VLHVARWKAW TCGGGAGAEG MDEPWEEGR LRRAEDEDA PGWSQTLRTC PAQGLRATGL 120
 ASYGMRGSWH RSPLPAVVLP SVLQTALSPL ALCQAWRRV PHGVPSQRLR NQEASLV PKG 180
 VPRAWYPGPL QNGLWTHLEK GELLGLKPTP GGLLLLRSFW DPHPSRPFLC TLLPPPLRIF 240
 PPLRCSA 247

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

- (A) LÄNGE: 521 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```
SKLNSYYGNV PVIEVK NKH PVEVVYLSEAQ KDSFESILRL IFEIHHSGEK GDIVVFLACE 60
QDIEKVCETV YQGSNLNPD LGELVVVPLYP KEKCSLFKPL DETEKRCQVY QRRVVLTTSS 120
GEFLIWSNSV RFVIDVGVE RRKVYNPRIRA NSLVMQPISQ SQAEIRKQIL GSSSSGKFFC 180
LYTEEFASKD MTPLKPAEM QEANLTSMLVF MKRIDIALG HCDFMNRPAE ESLMQALEDL 240
DYLAALDNDG NLSEFGIIM SEFPLDPQLSK SILASCEFDC VDEVLTIAAM VTAPNCFSHV 300
PHGAEAAALT CWKTFHPE GDHFTLISIYK AYQDTTLNSS SEYCVKWCW DYFLNCSALR 360
MADVIRAEEL EIIKRIELP YAEPAFGSKEN TLNIKKALLS GYFMQIARDV DGSGNYLMLT 420
HKQVAQLHPL SGYSITKKM PEWVLFHKFSI SENNYIRITS EISPELFMQL VPQYYFSNLP 480
PESKDILQQ VVDHLSPVS TMNKEQQMCET CPETEQRCTL Q 521
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119 :

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

```
MILQRLFRFS SVIRSAVSVH LRRNIGVTAV AFNKELDPIQ KLFVDKIREY KSKRQTSGGP 60
VDASSEYQQE LERELFKLKQ MFGNADMNTF PTFKFEDPKF EVIEKPQA 108
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

RGFYLPKLKK QNWYLTALPR DHLWALVESR HSKHSTGKRR ICLDSEMRYN SEDTMAESSR 60
GVGGSSY 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:121 :

- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

AACLALRIAA AMASQSQGIQ QLLQAEKRAA EKVSEARKRK NRRLKQAKEE AQAEIEQYRL 60
QREKEFKAKE AAALGSRGSC STEVEKETQE KMTILQTYFR QNRDEVLDNL LAFVCDIRPE 120
IHENYRING 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

- (A) LÄNGE: 175 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

SNMAAPSGGW NGVGASLWAA LLLGAVALRP AEAVERSEPTTV AFDVRPGGVV HSFSHNVGPG 60
DKYTCMFTYA SQGGTNEQWQ MSLGTSEDHQ HFTCTIWRPQ GKSYLEYFTQF KAEVRGAEIE 120
YAMAYSKAAF ERESDVPLKT EEFEVTKTAV AHRPGAFKAE LSKLVIVAKA SRTEL 175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

APPGLFPVAS PELKRCGMAR ACLQAVKYL FAFNLLFWLG GCGVLGVGIW LAATQGSFAT 60
LSSSFPSLSA ANLLIITGAF VMAIGFVGCL GAIKENKCLL LTFFRCCWLE ATIAILFFAY 120
TDKIDRYAQQ DL 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(A) LÄNGE: 357 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

```
VRVKMAAAEA ANCIMEVSCG QAESSEKPNA EDMTSKDYYF DSYAHFGIHE EMLKDEVRTL 60
TYRNSMFHNR HLFKDKVVDL VGSGTGILCM FAAKAGARKV IGIECSSISD YAVKIVKANK 120
LDHVVTIIGK KVEEVELPVE KVDIIISEWM GYCLFYESML NTVLYARDKW LAPDGLIFPD 180
RATLYVTAIE DRQYKDYKIH WWENVYGFDI SCIKDVAIKE PLVDVVDPKQ LVTNACLIKE 240
VDIYTVKVED LTFTSPFCLQ VKRNDYVHAL VAYFNIEFTR CHKRTGFSTS PESPYTHWKQ 300
TVFYMEDYLT VKTGEEIFGT IGMRPNAKNN ROLDFTIDL DFKGQLCELS CSTDYRMR 357
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

```
NQDTPPRTLL PSLSPNQRLG FSSPSGCSPT FPSRLHSPDW TTVAVRLDLK TGPRLGMNGC 60
SPLLLFPPTS LMREVVAFPS QGASMCKVSK ASGGAQYQRR GMAVTISPSP NLSPPFFESW 120
GRVGRDPDL 129
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

RQCLLWGHNW CMPAPKGPVF RGHFSQLLPS QMTAPSLEGA Q

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

QQQDKPSGLW PPGPWFCPT TWSPHGWLAG CPCVCVTHGV SAGLCPGWEG VYVALTVLAQ 60
SWWILSMDND TLRIVLVCFS YLWGIFPLRL LGLLLPQGV LRLMRGPLP VSPILSSREV 120
LTPDS 125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

DKGELGASCL PLTGPLHTKE DPRSWQGEV PLKTCCLHFQF GREKRGYPF SELAPGLGSS 60

HFSRPFRLRVW GEHLPRTQYG GNRQGSHPQP QGQDTLRQQQ TOEPEGENTP QIGKTNQDNP 120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

PHSRHCLYMH PSHLLTEGG NTQLHMLTHS HLLTEGGNTR SSALMRFQTL LPLCKPHSP 60
PPDKEIYKSG SLPTLPHSLK KGLRLGDGE IVTAIPLRWY SAPPEAFETF PIEAP 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

DRLYWKFDPV KVKALEGFPR LVGPDDFFGCA SLPTLSSDHG LDALRGADPC QATNIRLETH 60
GHLCCGCGHA WD 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

PLPGHEYQAR DPWPSLWLWA PGMGLSPCLL RGMGWGTTM TTAGRATQVV VTCQRLSQTG 60
QGGFGMT 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

(A) LÄNGE: 180 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

GGACGRTAEE AARETTRRSR KMRTRREFPV ISVVGYNCG KTTLIKALTG DAAIQPRDQL 60
FATLDVTAHA GTLPSRMTVL YVDTIGFLSQ LPHGLIESFS ATLEDVAHSD LILHVRDVSH 120
PEAESRNAAF CPRCVACSCP PRSWTPWWRF TTRWTSCPGT APRNRTSCPC LPCGATGSRS 180

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

PWALQLHRLI GWSPNHSFLV KAEITAKQAT MKLSVCILLV TLALCCYQAN AEFCPALVSE 60
LLDFFFIIEP LFKLSIAKFD APPEAVAAL GVKRCTDQMS LQKRSIAEV LVKILKKCSV 120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:138 :

(A) LÄNGE: 226 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

LGNHNKHGAI SMLFIRRTVC GVVILFFLK FFLFLNLIMI LGHDSVFSMT VASTRTSFP 60
RSGLPSSVKL SAPTSRTFSS RILSPHARSS SFPIKIRSSE VTFHWRLAKC TTAKSLPYCP 120
VTIISFTFFT TSAWCLVSST GSGRTTSGQG GELRDVLGTY PGRIEVLCEL NLREADQREA 180
APGPEGLRML WLHADASRPK VTVREDAAMA AAIFPQPRPE TETTRT 226

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:139:

(A) LÄNGE: 222 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

VRVSVSGRG CGKMAAAMAA SSLTVTLGRL ASACSHSILR PSGPGAASLW SASRRFNSQS 60
TSYLPGYVPK TSLSSPPWPE VVLPDPVEET RHHAENVVKKV NEMIVTGQYG RLFVAVVHFAS 120
RQWKVTSEDL ILIGNELDLA CGERIRLEKV LLVGADNFTL LGKPLL GKDL VRVEATVIEK 180
TESWPRIIMR FRKRKNFKKK RIVTTPQTVL RINSIEIAPC LL 222

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:140:

- (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

MMVAGAGADF VMLGGMLAGH SESGGELIER DGKKYKLFYG MSSEMAMKKY AGGVAEYRYV 60
WRPRSLVIVW RQNSWLLRGG WYSSQRSMVN RGSMLGSVEK SLGLRNPEGE DNKVFP TLRA 120
SEGKTVEVPF KGDVEHTIRD ILGGIRSTCT YVGA AKLKE L SRRTTFIRVT QQVNPIFSEA 180
C 181

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:141:

- (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

STWRQEQIGC FIMDGGDDGN LIIKKRFVSE AELDERRKRR QEWEKVRKP EDPEECPEEV 60
YDPRSLYERL QEQKDRKQOE YEEQFKFKNM VRGLDEDET N FLDEVSRQOE LIEKORREEE 120
LKELKEYRNN LKKVGISQEN KKEVEKKLT V KPIETKNKFS QAKCWQEL 168

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:142:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

```
TRKERSKEQR SRGEVEEKKH KEDKDDRRHR DDKRDSKKEK KHSRERSRER KHSRERSSRN 60
AGKRSRERSK EKSSKHKNES KEKSNKRSRS GSQGRDTSVE KSKKREHSPS KEKSRKRSRS 120
KERSHKRDHS DSKDQSDKHD RRRSQSIEQE SQEKQHKNKD ETV 153
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:143:

- (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

```
KRRNIKTKM IGGTEMTKEI PRKRKNTVEA EAEKGNTEVG VEVEMQNEV EVEAKRNQVN 60
IKMKVKKNQI NEVEVAVKEE LTVLKNQKNG NIVPAKKNLE SVVEAKNVPT NEITVIVRTS 120
QTNMIVEGAK V 131
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:144:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

```
IFLCWDYVPV FLIFQHCQFF LDCHFDFVYL IFLYFHFYVY LISLCFYFYF VSLHIFYDSY 60
FCVSFLCFCF YCVFSLSWNL FCHLCAAYHL CLLYVSSLLP LPYFSVPWTF LFSFISSFLI 120
IVTISSSTSL IFFLSFSIPC PFYPP 144
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 176 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

```
RLHRRTGASR SSHSSDSGGS DVDLDPTDGK LFPSDGFRDC KKGDPKHGKR KRGRPRKLSK 60
EYWDCLEGKK SKHAPRGTHL WEFIRDILIH PELNEGLMKW ENRHEGVFKF LRSEAVAQLW 120
GQKKKNSNMT YEKLSRAMRY YYKREILERV DGRRLVYKFG KNSSGWKEEE VLQSRN 176
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

```
MTCKMSQLER NIETIINTFH QYSVKLGHPD TLNQGEFKEL VRKDLQNFLK KENKNEKVIE 60
HIMEDLDTNA DKQLSFEEFI MLMARLTWAS HEKMHEGDEG PGHHHKPGLG EGTP 114
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(A) LÄNGE: 333 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

```
ATLEHPALVP LQPAEMVELM FPLLLLLLPF LLYMAAPQIR KMLSSGVCTS TVQLPGKVVV 60
VTGANTGIGK ETAKELAQRG ARVYLACRDV EKGEVAKAI QTTTGNQOVL VRKLDLSDTK 120
SIRAFKAGFL AEEKHLHVL I NNAGVMMCPY SKTADGFEMH IGVNHLGHFL LTHLLEKLEK 180
ESAPSRIVNV SSLAHLHGRI HFHNLOGEKF YNAGLAYCHS KLANILFTQE LARRLKSGSV 240
TTYSVHPGTV QSELVRHSSF MRWMWWLFSF FIKTPQGAQ TSLHCALTEG LEILSGNHFS 300
DCHVAWVSAQ ARNETIARRL WDVSCDLLGL PID 333
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1624 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149 :

```

TGAGCGGGGG ATGATGGCGC CGCGGAGGGT CAGGTCGTTT CTGCGCGGGC TCCCGGCGCT 60
GCTACNTGCT GCTGCTCTTC CTCGGGCCCT GGCCCGCNTG CGAGCCACGG CGGCAAGTAC 120
TCGCGGGAGA AGAACCAGCC CAAGCCGTCC CCGAAACGCN GAGTNCCGGA GAGGAGTTCC 180
GCATGGAGAA GTTGAACCAG CTGTGGGAGA AGGCCCAGCG ACTGCANTCT TCCTCCCGTG 240
AGGCTGGCCG ANGCTCCACG CTGATCTGAA GATACAGGNA GAGGGACGAA CTCGCCTNGG 300
AAGAACTAA ANGCTTGACG GCTTGGACGA AGATGGGGAG AAGGAAGCGA GACTCATACG 360
CAACCTCAAT GTCATCTTGG CCAAGTATGG TCTGGACGGA AAGAAGGACG CTCGGCAGGT 420
NGACCAGCAA CTCCTCAGT GGCACCCAGG NAAGACGGGC TNNGGATGAC CCCAGGCTGG 480
AAAAGCTGTN GGCACAAGGC GAAGACNCTC TGGGAAATTC TCCGGCGAAG AACNTGGACA 540
AGCTCTGGCG GGAGTTCCTG CATCACAAG AGAAAGTTCA CGAGTACAAC GTCCTGCNTG 600
GAGACCCNTG AGCAGGACCG AAGAAATNCC ACGAGAACGT NCANTTAGCC CCTCGGNACC 660
TGNAGCGACA TNCAAGGGNC AGCGTCCTGC ACAGCAGNGC ACNACGGAGC NNTGAANGGA 720
GAAGCTGCGC AGNATCCAAC CANGGGCCTG GACCGCCTGC GCAGGGTCAG CCACCAGGGC 780
TACAGCACTG AGGCTGAGTT CGAGGAGCCC AGGGTGATTG ACCTGTGGGA CCTNGGCGCA 840
GTCCGCCAAC CTCACGGACA AGGAGCTGGA GCGTTCCGG GAGGAGCNTC NAAGCACNTT 900
CGAAGCCAAA ATCGNAGAAG CACANACCAC TACCAGAANG CANGCTGGAG ATTGCGCACG 960
AGAAGCTGAG GCACGCAGAG AGCGTGGGNC GANCGGCGNA GCGTGTNGAG CCGCNNAGCC1020
GCGANNGAAG CNACGCCCTG CTGGAGGGGC NGGACCNAAG GNAGCTGGGC TACACGGTGA1080
ANGAAGCATC TGCAGGANCC TGTCCGGCAG GANTCTCCAN NGAGCTCGGC ANCAACGAAN1140
CTCTGAANGG CNATTGGGGA GNCCCNAGCC CGGCANGGGA ANGAGGNNNC CNAGCGTGNA1200
ANGGACCNTG NGGCTCTTGG CCNGTGGCAT TTNCCGTGGA CAGCCCNCCC GTCAGGGTGG1260
CTGGGGCTGG CACNGGGTGT CGAGGCAGGA AGGATNTGTT TCTGGTGACN TGCAGCCGCT1320
GCCGTCGCGA CACANGGGCT TGGTGGTGGT AGCNATTTGG GTCTGAGATC GGCCAGCNT1380
CTGACTGAAG GGGCTTGGNC TTCCACTCAG CATCAGCGTG GCAGTCACCA CCCAGTNGA1440
GGACCTCGAT GTCCAGCTGC TGTCAGGTCT GATAGTCCTC TGCTNAAAAC AANCACGATT1500
TACATNAAAA AATCTTACAC ATCTGCCACC GGAAATACCA TGCACAGAGT CCTTAAAAAA1560
TANGAGTGCA GTATTTNNA AACCAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1620
AAAA

```

1624

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1756 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 150 :

```
AAGCAACCTC GTTTATGTCT TATCTTTGCA TTTTCCTGTA TTCAGCTATT TTCTTAAAGG 60
AAGGCCCAGG TCTGTATTAT CCTACTGCCA CATAGGAAGT AAAATGAGTA CTCACAGCCT 120
TGCGCCTAAT CACTGAACAC AGCTTTTAGT AATGTTTAC ACAAGAACAG GATATTGGCA 180
ACTCAACTGT TAAGCCTTTC TGTGATTATT CTTCCCTGAG ATCACTCTGA TGTCCACAGT 240
GTAATTTGAG CCTGGAGCTT TTGTTACAC TTTAAATAGC AGTCCCAGAA TGATTTTCACT 300
ACAGACTCTC TGGAAAGCCT GGGAGCTGAA TTCCGGAAGA TCCCCACATC GATGAAAGCA 360
AAGCGAAGCA CCAAGCCATC ATCATGTCCA CGTCGCTACG AGTCAGCCCA TCCATCCATG 420
GCTACCACTT CGACACAGCC TCTCGTAAGA AAGCCGTGGG CAACATCTTT GAAAACACAG 480
ACCAAGAATC ACTAGAAAGG CTCTTCAGAA ACTCTGGAGA CAAGAAAGCA GAGGAGAGAG 540
CCAAGATCAT TTTTGCCATA GATCAAGATG TGGAGGAGAA AACGCGTGCC CTGATGGCCT 600
TGAAGAAGAG GACAAAAGAC AAGCTTTTCC AGTTTCTGAA ACTGCGGAAA TATTCATCA 660
AAGTTCACTG AAGAGAAGAG GATGGATAAG GACGTTATCC AAGAATGGAC ATTCAAAGAC 720
CAAGTGAGTT TGTGAGATTC TAACAGATGC AGCATTTTGC TGCTACCTTA CAAGCTTCTC 780
TTCTGTCTAGG ACTCCAGAGG CTGGAAAGGG ACCGGGACTG GAAAGGGACC AGGACTGAAC 840
AGACTGGTTA CAAAGACTCC AAACAATTTT ATGCCCTGTG CTGTTACAGA GGAGAACAAA 900
ATGCTTTTCTAG CAAGGATTTG AAAACTCTTC CGTCCCTGCA GGAAAGGATT GATGCTGATA 960
GAAGAGCCTG GACAGATGTA ATGAGAACTA AAGAAAACAG ATGGCTGGAG ATGACATTTA1020
TCCAGGGTCA CTTTGTCTAGG CCTTAGGACT TAAATCGAAG TTGAACTTTT TTTTTTTTTT1080
AACCAAATAG ATAGGGGAGG GGAGGAGGGA GAGGGAGGAC AGGGAGAGAA AATACCATGC1140
ATAAATTGTT TACTGAATTT TTATATCTGA GTGTTCAAAA TATTTCCAAG CCTGAGTATT1200
GTCTATTGGT ATAGATTTTT AGAAATCAAT AATTGATTAT TTATTTGCAC TTATTACAAT1260
GCCTGAAAAA GTGCACCACA TGGATGTAA GTAGAAATTC AAGAAAGTAA GATGTCTTCA1320
GCAACTCAGT AAAACCTTAC GCCACCTTTT GGTGTTGAAA AGGTTTTTTA TACATTTCAA1380
ACAGGTTGCA CAAAGTTAA AATAATGGGG TCTTTTATAA ATCCAAAGTA CTGTGAAAAC1440
ATTTTACATA TTTTTTAAAT CTTCTGACTA ATGCTAAAC GTAATCTAAT TAAATTTTCAT1500
ACAGTTACTG CAGTAAGCAT TAGGAAGTGA ATATGATATA CAAAATAGTT TATAAAGACT1560
CTATAGTTTC TATAATTTAT TTTACTGGCA AATGTCATGC AACAATAATA AATTATTGTA1620
AACTTTGTGA AAAATAGTCT GTGATGCTTG GTCTCAAAGG AAAAAATAAG ATGGTAAATG1680
TTGATATTTA CAACTTTTC TAAAGATGTG TCTCTAACAA TAAAAGTTAA TTTTAGAGTA1740
AAAAAACGG CTCGAG
```

1756

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1638 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151 :

```

CTCAGTATTA AGCAACAGAA AATGAGACTC ATCGTAGACT CAGCATAGAC CCATCACAGA 60
CCTGTCAGAG GCCGATTGTA AGCTCGCTGT AGACCCATGA TAGCAGACCC GTAGTCACTA 120
GCACTGGATC AAATGCAAGC TTATAAAGCA TTGGACACCT CAAGTCTAGT CGGCGAGCAG 180
GTCACAAGCT ACCTAACTAA GAAGTTTGCT GAACTACGCA GCCCCAATGA GTTCAAGGTG 240
TACATGGGCC ACGGTGGGAA GCCCTGGGTC TCCGACTTCA GTCACCCTCA TTACCTGGCT 300
GGGAGAAGAG CCATGAAGAC AGTTTTTGGT GTTGAGCCAG ACTTGACCAG GGAAGGCGGC 360
AGTATTCCCG TGACCTTGAC CTTTCAGGAG GCCACGGGCA AGAACGTCAT GCTGCTGCCT 420
GTGGGGTCAG CGGATGACGG AGCCCACTCC CAGAATGAAA AGCTCAACAG GTATAACTAC 480
ATAGAGGGAA CCAAGATGCT GGCCGCGTAC CTGTATGAGG TCTCCCAGCT GAAGGACTAG 540
GCCAAGCCCT CTGTGTGCCA TCTCCAATGA GAAGGAATCC TGCCCTCACC TCACCCTTTT 600
CCAAGTTGCC CAGGGAAGTG GAGGTTCCCT CTTTCCTTTC CCTCTTGTC GGTTCATCCAT 660
GACTTTAGAG AACAGACACA AGTGTATCCA GCTGTCCACG GGTGGAGCTA CCCGTTGGGC 720
TTATGAGTGA CCTGGAGTGA CAGCTGAGTC ACCCTGGGTA AGTTCTCAGA GTGGTCAGGA 780
TGGCTTGACC TGAGAAGAT ACCCAAGGTC CAAAAGCACA AGGTCTGCGG AAAGTTCTGG 840
TTGTCGGCTG GGCACCACGG CTCACACCTA TAATCGAGCA CTTTGGGAGG CCAAGACAGG 900
AGGATCACTT GAGGCCAGGA GTCTGAGACA AGCCTAGGCA ACAAACAAG ACTCTGTCTC 960
TACAAAAAGT TTAAGAAATG AGCCAGACAT GGTGGTGTAT GCCTGTAGTC CCAGCCACTC 1020
AGAAGGCTGA GGCAGGAGGA TCGCTTGAGA CCAAGAGTTT GAGCCTGCGG TGAGCTGTGA 1080
ATGCAACACG GCACTCAAGC CTGGGCAATG TAGCAAGATC CTGTCTCTAC AAGAAATTTT 1140
TTAAAAATGA GCCAAGTGTG GTGGTGCATG CCTGTAGTTC CAGCTACTCA GGACACTGAC 1200
GTAGGAGGGT TGCTTGAGAC TGAGAGTTGG AGGCTGCGAT GAGCCATGAA TGCCCCACTG 1260
CACTCCAGCC TGGGCGACAG AACGAGACCC CATCTCAAAA AAAATAAGTT CTGGTTGTCA 1320
TTGAATTGGG ATAAACAGAG AGCTTGATGC TTTCTGCCTT CTGTCTCAGG TGATGCATTG 1380
CACATTGGG ATATTTGGAA AGGAAATGAG GAAAGAAATT AGGGCCTCCT CTGATCTCTC 1440
GCTATCTGCG GGTCTGTCC TTTTCTCAAG ACCTTCACCA TTACTGGTGT TTTCTGTCTC 1500
TCTCTTTAGT ATGATCCCTC AAAACCTCAC TAACTGGAAG GATGATTTTG TCTCAGTTTG 1560
TACTCCTAAA TAAAAAGTAA ACATGACACC TCTAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1620
AAAAAAAAA AAAAAAAA

```

1638

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2589 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152 :

```
CAACCAGGGA GATTTCTCCA TTTTCCTCTT GTCTACAGTG CGGCTACAAA TCTGGGATTT 60
TTTTATTACT TCTTTTTTTT TCGAACTACA CTTGGGCTCC TTTTTTTGTG CTCGACTTTT 120
CCACCCTTT TCCCTCCCTC CTGTGCTGCT GCTTTTTGAT CTCTTCGACT AAAATTTTTT 180
TATCCGGAGT GTATTTAATC GGTTCGTTC TGTCCTCTCC ACCACCCCA CCCCCCTCCC 240
TCCGGTGTGT GTGCCGCTGC CGCTGTTGCC GCCGCCGCTG CTGCTGCTGC TCGCCCCGTC 300
GTTACACCAA CCCGAGGCTC TTTGTTTCCC CTCTTGATC TGTTGAGTTT CTTTGTGTAA 360
GAAGCCAGCA TGGGTGCCCA GTTCTCCAAG ACCGCAGCGA AGGGAGAAGC CGCCGCGGAG 420
AGGCCTGGGG AGGCGGCTGT GGCTCGTCG CCTTCCAAG CGAACGGACA GGAGAATGGC 480
CACGTGAAGG TAAACGGCGA CGCTTCGCCC GCGGCCGCCG AGTCGGGCGC CAAGGAGGAG 540
CTGCAGGCCA ACGGCAGCGC CCCGCCGCC GACAAGGAGG AGCCCGCGGC CGCCGGGAGC 600
GGGGCGGCGT CGCCCTCCTC GGCCGAGAAA GGTGAGCCGG CCGCCGCCGC TGCCCCGAG 660
GCCGGGGCCA GCCCGGTAGA GAAGGAGGCC CCCGCGGAAG GCGAGGCTGC CGAGCCCGGC 720
TCGGCCACGG CCGCGGAGGG AGAGGCCGCG TCGGCCGCTT CCTCGACTTC TTCGCCAAG 780
GCCGAGGACG GGGCCACGCC CTCGCCAGC AACGAGACCC CGAAAAAAA AAAGAAGCGC 840
TTTTCTTCA AGAAGTCTT CAAGCTGAG GGCTTCTCCT TCAAGAAGAA CAAGAAGGAG 900
GCTGGAGAAG GCGGTGAGGC TGAGGCGCCC GCTGCCGAAG GCGGCAAGGA CGAGGCCGCC 960
GGGGGCGCAG CTGCGGCCGC CGCCGAGGCG GCGCGGCCCT CCGGGGAGCA GGCAGCGGCG 1020
CCGGGCGAGG AGGCGGCAGC GGGCGAGGAG GGGGCGGCGG GTGGCGACCC GCAGGAGGCC 1080
AAGCCCCAGG AGGCCGCTGT CGCGCCAGAG AAGCCGCCCG CCAGCGACGA GACCAAGGCC 1140
GCCGAGGAGC CCAGCAAGGT GGAGGAGAAA AAGGCCGAGG AGGCCGGGGC CAGCGCCGCC 1200
GCCTGCGAGG CCCCCTCCGC CGCCGGGCC GCGCGCCCC CGGAGCAGGA GGCAGCCCCC 1260
GCGGAGGAGC CCGCGGCCGC CGCAGCCTCG TCAGCCTGCG CAGCCCCCTC ACAGGAGGCC 1320
CAGCCCGAGT GCAGTCCAGA AGCCCCCCA GCGGAGGCGG CAGAGTAAAA GAGCAAGCTT 1380
TTGTGAGATA ATCGAAGAAC TTTTCTCCCC CGTTTGTGTTG TTGGAGTGGT GCCAGGTACT 1440
GTTTTGGAGA ACTTGCTAC AACCAGGGAT TGATTTTAAA GATGTCTTTT TTTATTTTAC 1500
TTTTTTTTAA GCACCAAATT TTGTTGTTTT TTTTTTCTC CCCTCCCCAC AGATCCCATC 1560
TCAAATCATT CTGTTAACCA CCATTCCAAC AGGTCGAGGA GAGCTTAAAC ACCTTCTTCC 1620
TCTGCCTTGT TTCTCTTTTA TTTTTTATTT TTTCGCATCA GTATTAATGT TTTTGCATAC 1680
TTTGCATCTT TATTCAAAG TGTAACCTT CTTTGTCAAT CTATGGACAT GCCCATATAT 1740
GAAGGAGATG GGTGGGTCAA AAAGGGATAT CAAATGAAGT GATAGGGGTC ACAATGGGGA 1800
AATTGAAGTG GTGCATAACA TTGCCAAAT AGTGTGCCAC TAGAAATGGT GTAAAGGCTG 1860
TCTTTTTTTT TTTTTTTTAA GAAAAGTTAT TACCATGTAT TTTGTGAGGC AGGTTTACAA 1920
CACTACAAGT CTTGAGTTAA GAAGGAAAGA GGAAAAAGA AAAACACCA ATACCCAGAT 1980
TTAAAAAAA AAAACGATC ATAGTCTTAG GAGTTCATT AAACCATAGG AACTTTTACAC 2040
TTATCTCATG TTAGCTGTAC CAGTCAGTGA TTAAGTAGAA CTACAAGTTG TATAGGCTTT 2100
ATTGTTTATT GCTGGTTTAT GACCTTAATA AAGTGTAATT ATGTATTACC AGCAGGGTGT 2160
TTTTAACTGT GACTATTGTA TAAAAACAAA TCTTGATATC CAGAAGCACA TGAAGTTTGC 2220
AACTTTCCAC CCTGCCCAT TTTGTAAAAC TGCAGTCATC TTGGACCTTT TAAACACAA 2280
ATTTTAACT CAACCAAGCT GTGATAAGTG GAATGGTTAC TGTTTATACT GTGGTATGTT 2340
TTTGATTACA GCAGATAATG CTTTCTTTTC CAGTCGTCTT TGAGAATAAA GGAAAAAAA 2400
TCTTCAGATG CAATGGTTTT GTGTAGCATC TTGTCTATCA TGTTTTGTAA ATACTGGAGA 2460
AGCTTTGACC AATTTGACTT AGAGATGGAA TGTAACCTTG CTTACAAAAA TTGCTATTAA 2520
```

ACTCCTGCTT AAGGTGTTCT AATTTTCTGT GAGCACACTA AAAGCGAAAA ATAAATGTGA2580
ATAAAATGT 2589

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2963 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153 :

CTGCAACACC	ACCTTCGGTG	ACGGGCCTGA	CATGCTGCGC	ACAGACTTGG	GCGAGTCCAC	60
CGCCTCGCTG	GACAGCATCG	TCAGGGATGA	AGGGATCCAG	AAGCTCGGCG	TGTCCTCTGG	120
GCTGGTGAGG	GGCAGCCACG	GAGAGCCAGA	CGCGTCCCCTC	ATGCCCAGGA	GCTGCAAGGA	180
TCCCCCTGGC	CACGATTCCG	ACTCAGATAG	CGAGCTGTCC	CTGGATGAGC	AGAGCAGCTC	240
TTACGCCTCC	TCACACTCGT	CAGACAGCGA	GGACGATGGG	GTGGGAGCTG	AGGAAAAATG	300
GGACCCGGCC	AGGGGCGCCG	TCCACAGCAC	CCCCAAAGGG	GACGCTGTGG	CCAACCACGT	360
TCCGGCCGGC	TGGCCCGACC	CAGAGCCTGG	CTGAGAGTGA	CAGTGAGGAC	CCCAGCGGCA	420
AGCCCCGCCT	GAAGGTGGAG	ACCAAGGTCA	CGCTGGAGCT	GCACCGCGAG	CAGCAGGGCA	480
GTCACCGTGG	AGAGTACCCC	CCGGAACCAG	GAGAGCGGGG	GCGCACAGGG	CTTGCTAGCA	540
GCCAGCCCCC	AGAGCAGAGG	AAAGGCATCT	TGAAAAATAA	AGTCACCTAC	CCGCCGCCGC	600
TGACGCTGAC	GGAGCAGACG	CTGAAGGGCC	GGCTCCGGGA	GAAGCTGGCC	GACTGTGAGC	660
AGAGCCCCAC	ATCCTCGCGC	ACGTCTTCCC	TGGGCTCTGG	CGGCCCCGAC	TGCGCCATCA	720
CAGTCAAGAG	CCCTGGGAGG	GAGCCGGGGC	GTGACCACCT	CAACGGGGTG	GCCATGAATG	780
TGCGCACTGG	GAGCGCCCAG	GCCGATGGCT	CCGACTCTGA	AGGCAGTAAT	GAAACTTCAA	840
TTTGAACCAT	CAGTAATGAA	ACTTCAATTT	GAACCATCAG	GAAACCGTGA	GGCAAGCCCG	900
TCACCCCA	CAGGCTGCGG	CATCACCTC	AGACCTTGGA	GCCCAAGGGG	CCACTGCCCT	960
TGAAGTGGAG	TGGGCCCA	GTGTGGCGGT	CCCCATGGTG	GCAGCCCCC	GACTGATCAT	1020
CCAGACACAA	AGGTCTTGGT	TCTCCCAGGA	GCTCAGGGCC	TGTCAGACCT	GGTGACAAGT	1080
GCCAAAGGCC	ACAGGCATGA	GGGAGGCGTG	GACCACTGGG	CCAGCACCGC	TGAGTCCTAA	1140
GACTGCAGTC	AAAGCCAGAA	CTGAGAGGGG	ACCCAGACT	GGGCCAGAG	GCTGGCCAGA	1200
GTTCAGGAAC	GCCGGGCACA	GACCAAAGAC	CGCGGTCCAG	CCCCGCCAG	GCGGGCATCT	1260
CATGGCAGTG	CGGACCCGTG	GCTGGCAGCC	CGGGCAGTCC	TTTGCAAAGG	CACCCCTTGT	1320
CTTAAATCA	CTTCGCTATG	TGGGAAAGGT	GGAGATACTT	TTATATATTT	GTATGGGACT	1380
CTGAGGAGGT	GCAACCTGTA	TATATATTGC	ATTCGTGCTG	ACTTTGTTAT	CCCAGAGAT	1440
CCATGCAATG	ATCTCTTGCT	GTCTTCTCTG	TCAAGATTGC	ACAGTTGTAC	TTGAATCTGG	1500

```

CATGTGTTGA CGAAACTGGT GCCCCAGCAG ATCAAAGGTG GGAAATACGT CAGCAGTGGG1560
GCTAAAACCA AGCGGCTAGA AGCCCTACAG CTGCCTTCGG CCAGGAAGTG AGGATGGTGT1620
GGGCCCTCCC CGCCGGCCCC CTGGGTCCCC AGTGTTTCGT GTGTGTGCGT TTGTCCTCTG1680
CTGCCATCTG CCCC GGCTGT GTGAATTCAA GACAGGGCAG TGCAGCACTA GGCAGGTGTG1740
AGGAGCCCTG CTGAGGTCAC TGTGGGGCAC GGTTGCCACA CGGCTGTCAT TTTTCACCTG1800
GTCATTCTGT GACCACCACC CCCTCCCCTC ACCGCCTCCC AGGTGGCCCC GGAGCTGCAG1860
GTGGGGATGG CTTTGTCTTT TGCTCCTGCT CCCC GTGGGA CTGGGACCT TAAAGCGTTG1920
CAGGTTCTCTG ATTTGGACAG AGGTGTGGGG CTTTCCAGGC CGTTACATAC CTCCTGCCAA1980
TTCTCTAACT CTCTGAGACT GCGAGGATCT CCAGGCAGGG TTCTCCCCTC TGGAGTCTGA2040
CCAATTACTT CATTTTGCTT CAAATGGCCA ATTGTGCAGA GGGACAAAGC CACAGCCACA2100
CTCTTCAACG GTTACCAAAC TGTTTTTGGG AATTCACACC AAGGTCGGGC CCACTGCAGG2160
CAGCTGGCAC ACGTGGCCCC AGGGGCTGTG GAACGGGTCC CGGAAGTGTG AGACATGTTT2220
GATTTTAGCG TTTCCTTTGT TCTTCAAATC AGGTGCCCAA ATAAGTGATC AGCACAGCTG2280
CTTCCAAATA GGAGAAACCA TAAAATAGGA TGAAAATCAA GTAAAATGCA AAGATGTCCA2340
CACTGTTTTA AACTTGACCC TGATGAAAAT GTGAGCACTG TTAGCAGATG CCTATGGGAG2400
AGGAAAAGCG TATCTGAAAA TGGTCCAGGA CAGGAGGATG AAATGAGATC CCAGAGTCCT2460
CACACCTGAA TGAATTATAC ATGTGCCTTA CCAGGTGAGT GGTCTTTCGA AGATAAAAAA2520
CTCTAGTCCC TTAAACGTT TGCCCTGGC GTTTCCTAAG TACGAAAAGG TTTTAAAGTC2580
TTCGAACAGT CTCCTTTCAT GACTTTAACA GGATTCTGCC CCTGAGGTG TAATTTTTTT2640
GTTCTATTTT TTTCCACGTA CTCCACAGCC AACATCACGA GGTGTAATTT TTAATTTGAT2700
CAGAACTGTT ACCAAAAAAC AACTGTCAGT TTTATTGAGA TGGGAAAAAT GTAAACCTAT2760
TTTTATTACT TAAGACTTTA TGGGAGAGAT TAGACACTGG AGGTTTTTAA CAGAACGTGT2820
ATTTATTAAT GTTCAAAACA CTGGAATTAC AAATGAGAAG AGTCTACAAT AAATTAAGAT2880
TTTTGAATTT GTAAAAGAAA AAAAAGGGGG GGGAGAGGAA GGAGAGAAGA AGAAAAAAA2940
GACGAAAAAA GAGAAAGTTG TTA

```

2963

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3234 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154 :

```

CCGCAGAGGG CCGGGGCTAC GGGGCAGCCC CGGGCGATGA GGGGCCGGCG TTGACCGGGA 60
AGAGCGGGCA CCGCGGCAGT GGCTCCGAGG GGACCCGCGA TGGCAGCGCC CTGAGAGGAG 120

```

GCTCCAGGCA	GGGCGGGCTG	CGCTGGCAGC	GGCCGCTGAG	GTGCTGGCCG	GCCGGCTGGC	180
TGGCGACGGG	GGCAGAAGCG	ACGAGAGGCG	CGCTCGGCAC	CCGCACCCCC	GTGCCCCCGC	240
CTCAGTTGTC	TAAACTTCGG	GCTCTCTTCC	ACCGTCTGCG	CGCCAGAGT	CAACAACTTC	300
TTCACCCCCC	TCCGCCCCCG	CCCTTCCCTC	CGTCAGCCCC	GGGAGCTCGC	CGCGGCCCGG	360
GGACCAGGAA	CCTCCAGCGC	TGAGATGTGG	CCGTGAGGCG	TTGGCGGGCG	CCGAGGAGAA	420
GCTCGGCGGC	GTCCCGGGGC	CGGAGGGCCG	TGGGGCCGGG	GCGCAGGGGC	GCGAGCACCC	480
CGCGCCTCTC	CCCCGCCTCC	TCCTGCCGTC	TCCGCCGCTG	CCCGTGCCTT	GCAAGCAGCA	540
GCCGGAGCTG	CCAAGCGTCA	GGGCCGCGGA	GATGTCGTCG	TCGTGCGCCG	CGGCGGGGGC	600
TGCCAGCGCC	GCCATCTCGG	CCTCGGAGAA	AGTGGACGGC	TTCACCCGGA	AATCGGTCCG	660
CAAGGCGCAG	AGGCAGAAGC	GCTCCCAGGG	CTCGTCGCAG	TTTCGCAGCC	AGGGCAGCCA	720
GGCAGAGCTG	CACCCGCTGC	CCCAGCTCAA	AGATGCCACT	TCAAATGAAC	AACAAGAGCT	780
TTTCTGTCAG	AAGTTGCAGC	AGTGTGTAT	ACTGTTTGAT	TTTCATGGACT	CTGTTTCAGA	840
CTTGAAGAGC	AAAGAAATTA	AAAGAGCAAC	ACTGAATGAA	CTGGTTGAGT	ATGTTTCAAC	900
TAATCGTGGT	GTAATTGTTG	AATCAGCGTA	TTCTGATATA	GTAAAAATGA	TCAGTGCTAA	960
CATCTTCCGT	ACACTTCCTC	CAAGTGATAA	TCCAGATTTT	GATCCAGAAG	AGGATGAACC	1020
CACGCTTGAG	GCCTCTTGCG	CTCACATACA	GTTGGTATAT	GAATTCCTCT	TGAGATTTTT	1080
GGAGAGCCCT	GATTTCACG	CTAGCATTGC	AAAACGATAC	ATTGATCAGA	AATTTCGTACA	1140
ACAGCTCCTG	GAGCTTTTTG	ATAGTGAAGA	TCCCAGAGAA	CGTGACTTCC	TGAAGACTGT	1200
TCTGCACCGA	ATTTATGGGA	AATTTCTTGG	ATTAAGAGCA	TTCATCAGAA	AACAAATTA	1260
CAACATTTTC	CTCAGGTTTN	ATATATGAAA	CAGAACATTT	CAATGGTGTT	GCTGAAC TTC	1320
TTGAAATATT	AGGAAGTATT	ATCAATGGCT	TTGCATTGCC	ACTGAAAGCA	GAACATAAAC	1380
AATTTCTAAT	GAAGGTTCTT	ATTCCTATGC	ATACTGCAAA	AGGATTAGCT	TTGTTTCATG	1440
CTCAGCTAGC	NATATTGTGT	TGTANCAGTT	CCTGGAGAAA	GATACAACAC	TAACAGAGCC	1500
NAGTNGATCA	GAGGACTGCT	GAAATTTTGG	CCAAAAACCT	GCAGTCAGAA	AGAGGTGATG	1560
TTTTTAGGAG	AAATTGAAGA	AATCTTAGAT	GTCATTGAAC	CAACACAGTT	CAAAAAAATT	1620
GAAAGGCCAC	TTTTCAAGCA	GATATCCAAG	TGTGTATCCA	GTTCTCATTT	TCAGGTTGCA	1680
GAAAGGGCAT	TGTA CTNCT	NGGAATAACG	AATATATTCT	TAGTTTGNAT	TGAGGAGAAC	1740
ATTGATAAAA	TTCTGCCAAT	TANTGTTTGC	CAGTTTGTAC	AAAATTTNCC	AAAGAACACT	1800
GGNAATCCGA	CCATTGNTAG	CAC TNGGTAT	ACAATGTGCT	GAAAACCCTA	ATGGNAAATN	1860
GAATGGCAAG	CTTTTTCGATG	ACCTTACTAG	CTCATACAAA	GCTGAAAGAC	AGAGAGAGAA	1920
AAAGAAGGAA	TTGGAACGTG	AAGAATTATG	GAAAAAATTA	GAGGAGCTAA	AGCTAAAGAA	1980
AGCTCTAGAA	AAACAGAATA	GTGCTTACAA	CATGCACAGT	ATTCTCAGCA	ATACAAGTGC	2040
CGAATAAAAA	AAAAGCCTCC	CACCTCTGCC	GGATAGGCAG	AGNNTTTTGT	ATGCTTTTTT	2100
GAAATATGTA	AAAATTACAA	AACAAACCTC	ATCAGTATAA	TATAATTNAA	AAGGCCAATT	2160
TTTTNCTNGG	CAACTGTNAA	ATGGAAAAAT	ATATNNGGA	CTAAACGTNA	GCCCTGTGNC	2220
TGTATCATGG	CCATAGTATA	TTGTAACCTT	TGTCTAATCA	TTGGATTAT	TGTGTCACTT	2280
CTGAAGTTTC	ACAGAAATGA	ATGAATTTTA	TCATCTATGA	TATGAGTGAG	ATAATTATGG	2340
GAGTGGTAAG	AATTATGACT	TGAATTTCTC	TTTGATTGTG	TTGCACATAG	ATATGGNTAG	2400
TCTGCTCTGT	ATATTTTTTC	CTTTTATAAT	GTGCTTTTCA	CACTGCTGCA	ANACCTTAGT	2460
TACATCCTAG	GAAAAAATAC	TTCTTAAAT	AAAAC TAAGG	TATCATCCTT	ACCCNTTCTC	2520
TTTGTCTCAC	CCAGNAAATA	TGATNNGGGG	GGAATTACCT	GCCCTNAACC	CCTCCCTCAA	2580
TAAATACATT	ACTGTACTCT	GGNAATTTAN	GGCAAAACCT	NTAAATCTNN	CCAGGCTTTT	2640
TAAAGNCACA	AAATNATAAA	TAAAAGCTGG	GAAAGTAAAC	CAAAATTCTT	CAGATTGTTC	2700
CTCATGAATA	TCCCCNTTC	CTCTNGCNA	TTCTNCCAGA	GTGGTAANCA	GATGGGTAGA	2760
GGCNAGCTCN	AGGTGAATTA	CCCNAGCTTG	CCTNCTNCAA	NTTNCATTCC	NTCCTCTTNC	2820
CTCTNCAAN	GGCTNGANAG	GCAGGGCCTT	TNCCAGTCTT	CACAACCTGT	CCTTNCANCC	2880
TAGNTCCCTC	CTGANNCCCA	NGGGATGGNA	GGNCTTTNGA	GNTCCACAG	TGTNGGNTGA	2940
TNACAGAGCA	CNTAGTTGTN	CACTGNCCTG	GCTTTATTTA	AAGGAAC TGC	AGTAGGCTTC	3000
CTCTGTAGAG	CTCTGAAAAG	GTTGACTATA	TAGAGGTCTT	GTANTGTTTT	TACTTGGTCA	3060
AGTATTTCTC	ACATCTTTTG	TTATCAGAGT	ACCATTCCNA	ATCTCTTAAC	TTGAGTTGT	3120
GTGGAAACT	GTTTTGTAAT	GAAAGATCTT	CATTGGGGGA	TTGAGCAGCA	TTTAATAAAG	3180
TCTATGTTTG	TATTTTGCCT	TAAAAA A A A A	AAAAA A A A A A	AAGGGGGGTA	GCCA	3234

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3080 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155 :

```
GCGCAGGCGC AGTGGTGAGC GGCAACATGG CGTCCAGGTC TAAGCGGCGT GCCGTGGAAA 60
GTGGGGTTCC GCAGCCGCCG GATCCCCCAG TCCAGCGCGA CGAGGAAGAG GAAAAAGAAG 120
TCGAAAATGA GGATGAAGAC GATGATGACA GTGACAAGGA AAAGGATGAA GAGGACGAGG 180
TCATTGACGA GGAAGTGAAT ATTGAATTTG AAGCTTATTC CCTATCAGAT AATGATTATG 240
ACGGAATTAA GAAATTACTG CAGCAGCTTT TTCTAAAGGC TCCTGTGAAC ACTGCAGAAC 300
TAACAGATCT CTTAATTCAA CAGAACCATA TTGGGAGTGT GATTAAGCAA ACGGATGTTT 360
CAGAAGACAG CAATGATGAT ATGGATGAAG ATGAGGTTTT TGGTTTCATA AGCCTTTTAA 420
ATTTAACTGA AAGAAAGGGT ACCCAGTGTG TTGAACAAAT TCAAGAGTTG GTTCTACGCT 480
TCTGTGAGAA GAACTGTGAA AAGAGCATGG TTGAACAGCT GGACAAGTTT TTAAATGACA 540
CCACCAAGCC TGTGGGCCCT CTCCTAAGTG AAAGATTCAT TAATGTCCCT CCACAGATCG 600
CTCTGCCCAT GTACCAGCAG CTTCAGAAAG AACTGGCGGG GGCACACAGA ACCAATAAGC 660
CATGTGGGAA GTGCTACTTT TACCTTCTGA TTAGTAAGAC ATTTGTGGAA GCAGGAAAAA 720
ACAATTCCAA AAAGAAACCT AGCAACAAAA AGAAAGCTGC GTTAATGTTT GCAAATGCAG 780
AGGAAGAATT TTTCTATGAG AAGGCAATTC TCAAGTTCAA CTACTCAGTG CAGGAGGAGA 840
GCGACACTTG TCTGGGAGGC AAATGGTCTT TTGATGACGT ACCAATGACG CCCTTGCGAA 900
CTGTGATGTT AATTCCAGGC GACAAGATGA ACGAAATCAT GGATAAATCG AAAGAATATC 960
TATCTGTCTA ACCCATTTCC AATGGACAGT GATGGGCTTG TTTTGTAAA ATTACCAGAA1020
AACTCAGTGG AGATTACTG AAAAACTCAG ACTTTATTCA GATTAAGTTC CTCTACAAA1080
AGTAGGGTTC TGTCCCATGT GTCTCTGACA CATTTACAAA ATACCAGTTT TTTAAAATTT1140
TGGTCAAATT ATGAGTGGTT GATTTAAAAA CTTTTCAGG AAGAAGAAAA GCATGGAGTC1200
GTAATTTAAA GAACTCAATA AAAACTTCTA TTTTATTTT TAAAATAATA TACACAGTGT1260
TATTTTCTTC AAGACCGTCC TGTGGATGTG AAATCCGTCT TCGCGTCATG TATCTCCCAT1320
ATCCAGCAGT TCAGCCATCC AGCTACCTTT GGGACCCTGC TGCACCTTGT GTTTGCTGGG1380
GAGTCACTGG AGAGTGCATC TCTGTTCAGT TTCAGGGCAC GTCTCACACA TTTGCTGTTT1440
CTTATTCATT GTTGACACAG GGGATAGGTG ATCCACTACT TGCTGTAGAA TGTCCTTACT1500
TTCACTAGGA GGCAGATTAC TGAAATAGTA TTGTGGTACC AGCTGCATAA ATAGTTCAGG1560
AGAGATTTCT GAGGTAATCC TGATGTAGTT GTTCTCAGAA ATGCTGAATT TATGGAAGAG1620
GACCCACTCT GGCATCTTCT TGGTGATTGA GTAACCAGAC AGGGGATGCA GCTGAGCAAC1680
CTGCTTATGT GTCAGCATTG AGTAGTTACC TGATCCATCA ACATCCCGAG CAATCTGCAT1740
AAAGTAACCG GACAGAAGAG CTTTCTTTAT GTTTAGAGTG TTTTCCTTGG AGCCAAAAGC1800
AGGTTCTGCA TAGGGAAGCT CGATTGCTT GATAATTTCT AAGAGTTCAG CTCGAATAAC1860
ATCTGCCATT CTGAGTGCTG AACAGTTGAG GAAGTAATCA CGACACCACT TTTCCACACA1920
```

```

GTACTCACTG CTAGAATTCA GAGTTGTGTC TTGGTAAGCC TTGTAAATGC TGATGAGGGT1980
AAAGTGATCT CCTTCGGGAT GTAAAAATGT CTTCCAACAA GTCAAGGCAG CCTCTTCAGC2040
TCCATGTGGC ACATGTGAAA AGCAATTGG AGCTGTTACC ATGGCCGCGA TTGTTAGCAC2100
TTCATCTACA CAGTCAAATT CACAGGACGC TAAGATAGAC TTCGAGAGTT GTGGATCAAG2160
AGGAAACTCT GACATGATGA TTCCAAATTC AGAAAGATTT CCATCATTAT CCAGTGCTGC2220
CAGATAATCT AAGTCTTCCA ATGCCTGCAT CAAACTTTCT GGTGCTGGTC TGTTTCATGAA2280
GTCACAGTGG CCTAGGCCCC CAATGTCTAT CCTCTTCATA AAAAGCACCA TGCTTGTTAG2340
GTTGGCTTCC TGCATTTCTG CTGGCTTCAG TGGCGTCATG TCTTTGGAGG CAAATTCTTC2400
AGTGTACAGG CAGAAAAATT TTCTGAAGA AGATGAGCCA AGAATCTGCT TGCCTATCTC2460
TGCCTGGCTC TGGCTGATGG GCTGCATGAC GAGCGAGTTT GCTCTTATTC TCGGGTTGTA2520
CACCTTTCTT CTTTCCACAC CCACATCGAT AACAAATCTG ACTGAGTTGC TCCAGATCAA2580
AAACTCTCCA GAGCTAGTAG TTAACACCAC TCTTCTTTGA TAACTTGGC ATCTTTTTTC2640
TGTTTCATCG AGTGGCTTGA ACAATGAACA TTTCTCTTTT GGATACAAAG GAACAACCAC2700
CAGTTCTCCA AGATCTGGGT TTAGGTTAGA TCCTTGATAG ACAGTTTCAC AGACTTTCTC2760
AATATCTTGT TCACAGGCCA GAAAGACTAC AATGTCACCT TTCTCACCCG AGTGGTGAAT2820
TTCAAAGATA AGGCGTAAAA TAGACTCAAA AGAATCCTTT TGAGCCTCAC TAAGGTACAC2880
AACCTCCACA GGGTGTATTAT TTTTCACTTC TATGACAGGC ACGTTTCCAT AATAAGAATT2940
GAGTTTGCTG ATCAGGTGAG GTGAGGAGTT AATTATGAGC TTCAGTTCTG GTCTTGCTAG3000
TAAACATCT TTAAGAAGTC CAAGTAACAC ATCAGTTGCA ATGCTTCTTT CATGAATATC3060
ATCTAAGATG ATGACCCCAT

```

3080

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2407 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156 :

```

GAGTGAGTGA GTGTGTTGCA TCGAATTAAG GACTCTTGAA GAGAAGAGAG GTCCATTTCAG 60
GGTTGTCCAG ATTGAAGTGA GGTCTCACGG TGAAAAGAAA AGGAAAATAT TCAGACTCTC 120
TTGAAATCCA AAGAGCAAGA AGTAAATGAA CTTCTGCAAA AATTCCAGCA AGCTCAGGAA 180
GAACTTGCAG AAATGAAAAG ATACTCTGAG AGCTCTTCAA AACTGGAGGA AGATAAAGAT 240
AAAAAGATAA ATGAGATGTC GAAGGAAGTC ACCAAATGTA AGGAGGCCTT GAACAGCCTC 300
TCCCAGCTCT CCTACTCAAC AAGCTCATCC AAAAGGCAGA GTCAGCAGCT GGAGGCGCTG 360
CAGCAGCAAG TCAAACAGCT CCAGAACCAG CTGGCGGAAT GCAAGAAACA ACACCAGGAG 420

```

```

GTCATATCAG TTTACAGAAT GCATCTTCTG TATGCTGTGC AGGGCCAGAT GGATGAAGAT 480
GTCCAGAAAG TACTGAAGCA AATCCTTACC ATGTGTAAAA ACCAGTCTCA AAAGAAGTAA 540
AGTGGATTCC TTGGCAGGAC ACTGCCCCCTT GTCATCTGTC TTTGTGTTAG ATCCAGAGTT 600
GTCGGCAGCC GCTGCCATTG TTCTCATTCTG TGGTATGCAC TGTGGCCTAG CGTAGTTCTT 660
CCCTTTCCAA AGGTTTCTGA GGACTTCTCC CAGGAGAAGA CTGCCCCGCT CAGAACTGCT 720
TAGAGACTTC AAACCAGCAG AGGTGAAAGT CCCTGTCATC CCTTCAGATT CCAGAGCTGG 780
GATCAGCCAT GCCCAGAGGT CTGGTCCTGA TGCTGGCAGG GGGGCCCCCT CCTCCATCCC 840
TGA CTGGCTG AGTGGCTTTA TCACCACCGA GTGATGTGCT GAGGCCTCCT GCAGTGAATG 900
CTCCTTCCAT TCCTGTACTC GGGCAGTGCC ATTCAGCACA GGAGAGCTCT TTTTGCCTTT 960
GGCTTTCAAT TCCAAAACAT GATTTAATTT CTAATAAAT TAGTATGGCA CTAGTTATGA1020
AGTATCTGCT TAAAACCCTT CATCATGATA TCCTGTGGAT TTAAAACTC TAATTCCATG1080
TTTTCTTCCC ATCTGCCTTA TATATCTCAT CACCCTGCTT ATCAATATTC AGTTTGATGA1140
GCACTATTAA CTAAAATATG AAACCTAAAA ACAAAAGCAA GTTGTCTTAA AAAGTTCTTT1200
TTTTAAGTAA ATTGTTGACA TACTGCAAAT TTTCTATGCA AACTTGCCCTC CTGCTGTTAT1260
CTGTGAAGCT CAGGAAATCC AAACATTTGT GTTTCAACAA GGGACAGTAA ACTGTGTGTT1320
TACAGCCAAA AGAAATGCCT CATAGTTCTT AACCTCAACT TTTGTAGAAG TATTTTTTTC1380
TCTGTAATAT TTTTATTGGC TCATAAAGAT GTTTTCATAT CTGAACCTCT AAATAAGTGA1440
AATTACAGTA GATTATATTA ACAAATACT TTTTAGGTAG CCATGCTTGA GACTTTTTAA1500
AAATATAACT TTTTCCTTAA AGTTTTCAGC TATAGCAAAA GGTAGTTATG TATGCCAGAC1560
CTAATATGAG CTGCCACCAA CCCCCCTAGA ACTTTCAGCC ATGGTGTCTT CAGAATTGTA1620
GCGCATTTCT GAATCTAGCA AATCCTCCTT TTACCCGTTG AATGTTTTGA ATGCCCTGAC1680
TCTACCAGCG CCCATAAATG ATCTCTAGAA GGACTGTTAG TACCAATCTG TTTTCAACT1740
TTGAAGCTAA AAACCCTGAT ATGGTAATAT TATGGTGCAT AGCAGAGGTC TCGGAAAAAA1800
AATATTTCTG TTCACCTTAC TTTCAGGTTA AAAATGTTTC TAACACGCTT GCAACTTCCC1860
TTATGGCATT AATCTTGTTG AGGGAGAGAG ACAGAATCCT GGACTCTCCA AAGTATTTAA1920
CTGAAAGTAG GGCCTGCTCT GACAGGGCCC ATGTCCCACA AGGCTGCTTG GCCTCAGTGG1980
GTGCTTGGCT GTGCTGGATG ATATGTTGAT CTGTATTGGA TAAGGACCAA TGACAGCAA2040
GCAAAAATGG CTTTAAAGCT TGGTGTTACT TTTCTTAAGT TGTTTAAATTA TAGTTAAGCA2100
ATTTCAAAAA TGCTCCAAAG AAATGTGAAA GGACCTTTTG TCACAGCACT TCAGAAAATA2160
CACAAACAGCC CCTTCTGCCC CCGCACAGAA ATGCTGCAGA GTATATAAAA CTTGAGACAT2220
TTTTGTAGGA TGCCTGACGA GGTGTAGCCT TTTATCTTGT TTCCGGATGC ATATTTATTA2280
CGAGTACTCT GGTAAATAT TGAAAAGTTA TATGCTGTAG TTTTAGTAT TTTGTCTTTG2340
TAATTTACAG AAGTTATTGG AGAAAATAAA CTTGTTTCAT TTTGCAAAAA AAAAAAAAAA2400
ATGAAAA

```

2407

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1625 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157 :

```

TTTTTTTTTT TTTTTTTTTT TTTTTTTTTT TTTTTTTTAA AGGTCATCTA GTTGTATTGT 60
ATCAGAACAA GCAAGGAAAT CCCATAATGT TCTTCAACT GTTTTTACCT ATAAGATTTT 120
GCAACCAAAG ACTTTCGGCT AAGATGGCCA CAGGACATTT AACTTGTAAG GGCTAGTATG 180
AAGGTACTAC AGGTATAATG CACATCATCT AGCCCACCAG GAAGGAAATA TGCTTAATAA 240
CTTGCCCCAG GCTGTCCCAG GACAAGGATC TCTAGAGAAA AGACAACCTA CAGACTAGTT 300
GCTTGCTGTT TTCCAAAACA TTTGTTGGAA GAAATCACAT GACACATGTA TCAGGAACAT 360
TTTCTAATTA TGTATATAAA TGGATATGTG ATATGTGTGC TATTTGTGTG CTAATGTCCT 420
AAGTGAAGTT CTGCAGACCA TCTGGGTCAA AGTGCATTTT GCATGATCAA AAATGAAGAA 480
CCACTGGTTG TCACGGAGAC AGGGAAAAAA AAAAGAATGG GGAAAAATGC ATGACAGAGT 540
CTTTACTTTT AAATGATTAT CGATACACCA AGTAATACAT GTAACAAGTT CTTGAATTCT 600
ATCATCTAGT AATTTTGATT AAGAGAAACT AAAAGCAGCC CAAACAATTC CACTAGTATT 660
CACTGTTCTA ACCATTAGCA AGAATGGACT ACTTTAAGGC TGGCTGCTGC TTCACACAGG 720
TTACAAAGAA CTATTTACTA CTTTTTCATA GATAAAGCCC CTGACCTTCA AGAAAGTGTT 780
AGGGAAAAAA ATTATTTAAT CCCTTCCTTT CTTCAAAGAA TTGTTATGTG GTTTTTTTTT 840
TTTTTAAACT AGATCTAAGA AAGAAAAAGT CAACACTGAT ATACATGTTG CTTGAGCCAA 900
AAGACATAGG AAAAAAAGAC AACATATAAC CATTAAATTC CTAAGAAATA TGAGGTAAAA 960
AGATGAAATC TTTAGATAAT TTCTAAGTCT GTACAAAAAA GCTAGATTTG CTAATGCCATA TCATAAGAAT1080
AAAAGTGGAA GGACCTATTA TATAATATAT GGAAATAATT TAATGCCATA TCATAAGAAT1080
GTAAGTAGAG CTGTGCTAAG CTTCATATTC GTGAGGGCAT CTAAATGCCC ACTCCACAGC1140
ACAGGTGCTT CTCTCTTCTA TCCATTTATG CGGTAGTTTT CATGGATTTT TGGCCGAATG1200
TCACAGACAA AAGCCAAGAG GTTGTCCTAAG ACTTCATCCC TGTTCTGCCG GAAGTATGTC1260
TGGAGGATGG TCATCTTCTC CTGGGTCTCC TTCTCCACTT CAGTGCTGCA ACTGCCACGG1320
GATCCCAATG CCGCAGCTTC CTTGGCCTTG AATTCTTTCT CCCTCTGCAG GCGGTACTGT1380
TCAATTTTCAG CCTGAGCTTC TTCTTTGGCC TGCTTCAGCC TCCGGTTCTT TCTTTTGC GG1440
GCCTCGGACA CCTTCTCGGC TGCCCGCTTC TCGGCCTGCA GCAGCTGCTG AATCCCCTGA1500
GACTGACTAG CCATGGCGGC AGCGATTCTG AGAGCAAGGC AAGCGGCCTA AGGCACCTCG1560
AAGGCCCTT GGGTCAGCTG ACACAGCCGC CCACAATCTG CGCTTGCTCC TTGCGCCTGC1620
CTTCG

```

1625

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1402 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158 :

```

TAAAGCTGCG GCGGCGGTTT GCGTTTCTCG TGTCCGCTTG ACTGACAGCT GCGGCGCGGG 60
AGCGGGCGGC GCGAGCGGGA GGCGGCGGCG CAGAGCTTGG GGCTTCCTTG GTCGCACCCA 120
CCACCTGCTT GCCACTGGT CAGCCTTCAG GGACCCTGAG CACCGCCTGG TCTCTTTCCT 180
GTGGCCAGCC CAGAACTGAA GCGCTGCGGC ATGGCGCGCG CCTGCCTCCA GGCCGTCAAG 240
TACCTCATGT TCGCCTTCAA CCTGCTCTTC TGGCTGGGAG GCTGTGGCGT GCTGGGTGTC 300
GGCATCTGGC TGGCCGCCAC ACAGGGGAGC TTCGCCACGC TGTCTCTTC CTTCCCGTCC 360
CTGTGCGGCTG CCAACCTGCT CATCATCACC GCGCCTTTTG TCATGGCCAT CGGCTTCGTG 420
GGCTGCCTGG GTGCCATCAA GGAGAACAAG TGCTCTCTGC TCACTTTCTT CCGGTGCTGC 480
TGGTGTTCCT GCTGGAGGCC ACCATCGCCA TCCTCTTCTT CGCTACACG GACAAGATTG 540
ACAGGTATGC CCAGCAAGAC CTGAAGAAAG GCTTGACCT GTACGGCACG CAGGGCAACG 600
TGGGCCTCAC CAACGCCTGG AGCATCATCC AGACCGACTT CCGTGCTGT GCGTCTCCA 660
ACTACACTGA CTGGTTCGAG GTGTACAACG CCACGCGGGT ACCTGACTCC TGCTGCTTGG 720
AGTTCAGTGA GAGCTGTGGG CTGCACGCCC CCGGCACCTG GTGGAAGGCG CCGTGCTACG 780
AGACGGTGAA GGTGTGGCTT CAGGAGAACC TGCTGGCTGT GGGCATCTTT GGGCTGTGCA 840
CGGCGCTGGT GCAGATCCTG GGCCTGACCT TCGCCATGAC CATGTACTGC CAAGTGGTCA 900
AGGCAGACAC CTACTGCGCG TAGGCCGCCC ACCGCCCGCT TCTCTGCCAA AAGGACGCCC 960
ACGGGGAGAT GGCCGCACCC ACAGCTGCCT TTCCCACCAC CAGCCTCGGT GCTCTGCCCC1020
ATGCTGGGAG GAGGGAGGGA GGGACAGGTG CCTGGAGCCC CCGGAACCTT GTTTCTGGAA1080
GGCCCTGGCT CAGGTGGCTT CAGGGCCTCC GGACCCCCC TGGGAGGGGT GGCCACGTGC1140
TGGCTGCGGA ACCCAGGGCA GGGGTGGGAG GGGCCTCCAG CACTTTTTAT ATTTACGTAT1200
TCTCCAAAGC AGTGTTCACA CGGGAGCCAG CCTGTGGCCC CCAGCCTCCT GGAAAACAGG1260
TTGGCGCTGG AGGAGCCGGG TCTTGGCATC CTGGAGGTGG CCCCCTGGT CCTGGTGCTC1320
CAGGCGGGGC CGTGGACCCC TCACCTACAT TCCATAGTGG GCGCGTGGGG CTCCTGGTGC1380
ATCTTAATAA AGTGTGAGCA GC

```

1402

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2159 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159 :

```

TAGAATATTC ATGTGAGTTC ATTCCTCCCT GCTGAGATTG TTCAGCTCCT CCTTCCCTGC 60
TATACCGACT GGACTTGAAC ACTAAGTCTT CAATAGCTGA GATTCTCCAT CTTAATCTAC 120
TTGGAGGCAA GAGCAGATTG GTTGTTCAT TATGGATGGA GGGGATGATG GTAACCTTAT 180
TATCAAAAAG AGGTTTGTGT CTGAGGCAGA ACTAGATGAA CGGCGCAAAA GGAGGCAAGA 240
AGAATGGGAG AAAGTTCGAA AACCTGAAGA TCCAGAAGAA TGTCCAGAGG AGGTTTATGA 300
CCCTCGATCT CTATATGAAA GGCTACAGGA ACAGAAGGAC AGGAAGCAGC AGGAGTACGA 360
GGAACAGTTC AAATTCAAAA ACATGGTAAG AGGCTTAGAT GAAGATGAGA CCAACTTCCT 420
TGATGAGGTT TCTCGACAGC AGGAACATAA AGAAAAGCAA CGAAGAGAAG AAGAACTGAA 480
AGAACTGAAG GAATACAGAA ATAACCTCAA GAAGGTTGGA ATTTCTCAAG AGAACAAGAA 540
GGAAGTGGAA AAGAACTGA CTGTGAAGCC TATAGAAACC AAGAACAAGT TCTCCCAGGC 600
GAAGTGTTGG CAGGAGCTGT GAAGCATAAG AGCTCAGAGA GTGGCAACAG TGTGAAAAGA 660
CTGAAACCGG ACCCTGAGCC AGATGACAAG AATCAAGAGC CCTCATCCTG CAAGTCTCTC 720
GGAAACACCT CCCTGAGTGG CCCCTCCATC CACTGCCCTT CTGCTGCAGT ATGTATCGGC 780
ATCCTCCAG GCCTGGGTGC CTACTCTGGG AGCAGCGACT CCGAGTCCAG CTCAGACAGC 840
GAAGGCACCA TCAATGCCAC CGGAAAGATT GTCTCCTCCA TCTTCCGAAC CAACACCTTC 900
CTCGAGGCCC CCTAGTTTCT CCGTCCCTAC ACAGGGAGCT CCTCCCCAAG GGTAGATCGG 960
ACCGTTCATG CTGCCTATAG GCATTATGTC CCTCAAAAAA AAACCTCTTT GGTGCATCC1020
TGTGTACAAC ATGACATTTT TAACCAATCC AATCTAAAAA TGTGCCAGAA TCCACCTGTG1080
GCCCCAATCG TGTTTGTTTC CTCTTTCTAC TCCACTGCAG ATGACCAAAC CTGTCCCGT1140
GCCACTTTC TCACTGATAT TGGGAGGAGG GCAAGGCCCA GCCGAAGTTC CACTAAAAAT1200
GCCCCAGGAG AATAGGCACC GGCTGGCTTG CCAAAGGGTT TGGGTTTTAT TGCTTTCTGT1260
TTTTTCTTTT CCCGACAGCA CAAAGAAGTA AGGGCAGTTA TTGGACAGGT GTTATTTAAA1320
CATTCTATTG TAAATGAATG TGTGTTTGG TTCTACTGCA TTGTGGAGCA TGCGGGGGAA1380
GAGAACTGAC CCAGGTAATG AAATGGAGCC CTTCCCTGGA ACTAACCAGT CCTTGATGTT1440
GTGTGACTAA GTAAAGATGA TAAACCCCAT CTGCTGGGGG TGTCACCTCA CACTCGGCAT1500
GCATTGTGAA AGCTTTCCAT ACCCTTGCC ATTCCCTCTC TCCTCTCTCT CCAACCCCAT1560
TTATGCAGGA AGGGACTGCT AACAAGAACG CTTCCATCTC AAACCTTTTC TCTGCCTGGG1620
AAATTATTTT ATGTTTGT TTGAAATAAA GGATTTAGTT TAAGATTCTA AATTTTAGAG1680
AAACAAACGT AGGCCTTGTT TACTAATAGC CAGACATCAG AACTGCAGGT AGGTATGTTA1740
ATGAGATGAC TTATTTCTGG CAGCTCCTGG AATCCTAATA TTGTAAATGA GTGGGACACA1800
CTTGCAATT GTGACCATT TATTGAGGCC CTTCTCTGTT TAATGCATAT TACTTTGTG1860
CTTTTAACTG TGGAATCTAT TTCTAACCTA AAGGTGCTGC CTTAGTACTT TTCTTTTGCT1920
GCCTCTGCTG CTCTTTTCC TTTTCCAAAC AGCAAACTCT GAGGCCATGA GCAGCCAAAA1980
ACTAGAGGTA CTGCTCCACC TCGTCTCATA AAGGGAAACG GGCTCATCCC TTGGATTCTG2040
GAGGAGGGAG AGGGAGATGG TGTGGAGGCT CGAGGACAGA GAGAGACATG AGTTTGACAA2100
CAATCTGTAG GCCGCCTGGC TTAGAATAAG CAGTACCTTC TTATCATTC GCTATTCCC 2159

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2795 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160 :

```
TCACCCGCCT TAGAAATTC AAAGAAAGAT GGAAGGAAA GTCCTGAGGA ATATAGACAG 60
ACATTTTAA CCGCAGACGT TTAAAGGTCT CCAAAGAAAT CTCGGAGTCC ACGGGAGTCC 120
CCCAAGAAGG CCAAGAAGTT AGAAGTCATC ATCGGGAAGC CCCAGGGGTC TTCTAGTTTT 180
GACAGAGAAT TAGAAAGAGA GAAAGAACCC CAGCGACTAG AGCGTGAAGC CAAAGAAAGG 240
GAGAAAGAAC GCGGAAGATC CCGAAGTATT GACCGGGGGT TAGAACGCAG GCGCAGCAGA 300
AGTAGGGAAA GGCATAGAAG TCGCAGTCGA AGTCGTGATA GGAAAGGGGA TAGAAGGGAC 360
AGGGATCGAG AAAGAGAGAA AGAAATGAG AGAGGTAGAA GACGAGATCG TGACTATGAT 420
AAGGAAAGAG GAAATGAACG AGAAAGAAA AGTCCAAGGA ACAGAGAAGT AGGGGAGAGG 480
TAGAAGAGAA GAAACATAAA GAAGACAAAG ATGATAGCGG GCACAGAGAT GACAAAAGAG 540
ATTCCAAGAA AGAGAAAAAA CACAGTAGAA GCAGAAGCAG AGAAAGGAAA CACAGAAGTA 600
GGAGTCGAAG TAGAAATGCA GGGAAACGAA GTAGAAGTAG AAGCAAAGAG AAATCAAGTA 660
AACATAAAAA TGAAAGTAAA GAAAAATCAA ATAAACGAAG TCGAAGTGGC AGTCAAGGAA 720
GAACTGACAG TGTTGAAAAA TCAAAAAAAC GGAACATAG TCCAGCAAAA GAAAAATCTA 780
GAAAGCGTAG TAGAAGCAAA GAACGTTCCC ACAAACGAGA TCACAGTGAT AGTAAGGACC 840
AGTCAGACAA ACATGATCGT CGAAGGAGCC AAAGTATAGA ACAAGAGAGC CAAGAAAAAC 900
AGCATAAAAA CAAAGATGAG ACTGTGTGAA AATATTTTGT AAAAGTGGAT CACATTGAAT 960
CCTATAAATG ATTAAATCTG CTTTTTCCC CCACGTTGAG ATTGTGCAGT AGTTCGCACT1020
CCTCAAGCTC TCCCTGTAGG CTGCATTTTC ATTTCTCTT TCGTGTAGGG AAGTGCCTTT1080
GTAATTCAT TTATTGCATT GGTGTTTTCA CCAATTGTT AAGTTTGATA CATGATGCAC1140
AGATTGTTCT TGCATTTTAA TTGTTTGTTT TTGAAATGTA CAGTCTGTAC ATATGTCCTG1200
AAAATGTTTT AATTCCTTTG GCATGGTTGC CATGTTGGTT AAATTTGTAT AAGGCAATAA1260
ACTGCCACTA ATCTATTTTT GTTTTGATAG TTGGGGATTA TGGTTTGTGT ACTGAAGTTA1320
GCATGGCTGT GCTTTTCGTA ATAGAATGCT AAAGACTTTG AGAATGGATC TTGGATGTCT1380
ATTATAGGAG AAGTATGTGC TGCCAATGTA CAAGAAGGCA GCATTGTAGG ATTAACATTC1440
TTGTCTACTG TATATTATCT TGGAAGGCTC TTGTTAATAT GTTACACTTA ATATTCTCCA1500
CAGTTACCTT TAGAGAGAAT TTATGAGAAG TTAGTTTCTG ATGCAGAGGT TTTTAGGCTG1560
TGATTTTCATC AAAAGTCCTT TTAGCATTCT ACCTCAAAGG GACACTTAGT ATGCCTAAAA1620
TTTATTCACT TAGTTTTCTT TTTTATTTG AAAAAATACA TGACATGTAA TCTTTTTTTC1680
TTGAATTCCT TCTCAGATTT TAAAGTACTA TATTAAAGAA AAAAATTAAT GTCTAAAGCC1740
TAGCATTCTT GCAGAACCCT ATACTAACAT GTAATGGGGA GAGGGTGGGG CAGATGAGTA1800
GAGAAACAGA TTCAAGCCTC AAGCTTCCAA AGCATTTTTA TAAATGGAAA ATCCTTAAAT1860
TATGAAACAG CTTGATATAG TGTCCTTTTT TTAATTTCA GAACTTTTTT TATTGATAAT1920
GGAGATTGCT GTTTGAGTTT TTAACTTAA TCTAGAACAG AGGAGTATTA AAAGTAATGC1980
TGTGCTGCAT TATTTAAGAC TATCAGCAA TTATTTGATA GATTGTTCTT ACAACTTGTA2040
TTCTGATTAC AGAACCATCA TGAGTGTGGA ATAAATACTG GATTAAATCC TTTATCCTGG2100
GTCTTGGCTT TTCCCCCATT TGTTAAATTT TTTTAGCATA TTTATATTGT GGAAATTGAT2160
GAAACGTCAG TAGAGTCACA CTTTGTGTAC AGGGATGTCT TAGTGCCAG ATGACAAGTG2220
AATTTTGAG AAATGCATAG ACTGGGATTG GGCATGTGGT AATCAATAAT CTTTATTAGA2280
ATACTTGATA ATGGCAGTTC CTTTGTGAC TGGTTGTAC ATGTGTCATT TGATTACTTT2340
GTTCCATGTC AAAGACGTTT ATTGGGATAC CTTTACTTG GACAATATGT TAGCATTTTT2400
TAAAATTTGG ACTTGAAATT CTTTAAGATA ATTCACCCAA TTCTTTTATG AAAAGAAAAT2460
AGAGGCCCAA AGTAATGATG TCAGTGCTAG GGCTAAAACT CAGTATTCTG ACAGTGTAGT2520
GAACCTGGCA CGCACATTGA GGTGTGTTTT ATCTCACTGG TTATACTGGC CAACTAATGC2580
GCACTCAGAA GCCACCTTGC AAAAATGTTA AATGGAGCAA ACGAGTACAC TTGCAAGAGT2640
```

CCTCCATATG TGGGCTTAAC ATATGTACCA CTCCATTTTA GAAAAATCTC ATTAAATGAA2700
 TTCTTTCTAAA AATGATATGC TTTTCTCTTT TTTAAGAAAA TTCCTTTGTC TTTTAAATTG2760
 AGCATCAAGT GAATTAGTGC TATAGACACC CAGAA 2795

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1711 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 161 :

TCGGCGAGCA	ACGCTGGAGC	ATCCCCTCT	GGTGCCGCTG	CAGCCGGCAG	AGATGGTTGA	60
GCTCATGTTT	CCGCTGTTGC	TCCTCCTTCT	GCCCTTCCTT	CTGTATATGG	CTGCGCCCCA	120
AATCAGGAAA	ATGCTGTCCA	GTGGGGTGTG	TACATCAACT	GTTCAGCTTC	CTGGGAAAGT	180
AGTTGTGGTC	ACAGGAGCTA	ATACAGGTAT	CGGGAAGGAG	ACAGCCAAAG	AGCTGGCTCA	240
GAGAGGAGCT	CGAGTATATT	TAGCTTGCCG	GGATGTGGAA	AAGGGGGAAT	TGGTGGCCAA	300
AGAGATCCAG	ACCACGACAG	GGAACCAGCA	GGTGTGGTG	CGGAAACTGG	ACCTGTCTGA	360
TACTAAGTCT	ATTCGAGCTT	TTGCTAAGGG	CTTCTTAGCT	GAGGAAAAGC	ACCTCCACGT	420
TTTGATCAAC	AATGCAGGAG	TGATGATGTG	TCCGTACTCG	AAGACAGCAG	ATGGCTTTGA	480
GATGCACATA	GGAGTCAACC	ACTTGGGTCA	CTTCCTCCTA	ACCCATCTGC	TGCTAGAGAA	540
ACTAAAGGAA	TCAGCCCCAT	CAAGGATAGT	AAATGTGTCT	TCCCTCGCAC	ATCACCTGGG	600
AAGGATCCAC	TTCCATAACC	TGCAGGGCGA	GAAATTCTAC	AATGCAGGCC	TGGCCTACTG	660
TCACAGCAAG	CTAGCCAACA	TCCTCTTCAC	CCAGGAACTG	GCCCGGAGAC	TAAAAGGCTC	720
TGGCGTTACG	ACGTATTCTG	TACACCCTGG	CACAGTCCAA	TCTGAACTGG	TTCGGCACTC	780
ATCTTTTCATG	AGATGGATGT	GGTGGCTTTT	CTCCTTTTTC	ATCAAGACTC	CTCAGCAGGG	840
AGCCAGAGCC	AGCCTGCACT	GTGCCTTAAC	AGAAGGTCTT	GAGATTCTAA	GTGGGAATCA	900
TTTCAGTGAC	TGTCATGTGG	CATGGGTCTC	TGCCCCAGCT	CGTAATGAGA	CTATAGCAAG	960
GCGGCTGTGG	GACGTCAGTT	GTGACCTGCT	GGGCTCCCA	ATAGACTAAC	AGGCAGTGCC	1020
AGTTGGACCC	AAGAGAAGAC	TGCAGCAGAC	TACACAGTAC	TTCTTGTCAA	AATGATTCTC	1080
CTTCAAGGTT	TTCAAAACCT	TTAGCACAAA	GAGAGCAAAA	CCTTCCAGCC	TTGCCTGCTT	1140
GGTGTCAGT	TAAAACTCAG	TGTAAGTCCA	GATTTCGTCTA	AATGTCTGTC	ATGTCCAGAT	1200
TTACTTTGCT	TCTGTTACTG	CCAGAGTTAC	TAGAGATATC	ATAATAGGAT	AAGAAGACCC	1260
TCATATGACC	TGCACAGCTC	ATTTTCCTTC	TGAAAGAAAC	TACTACCTAG	GAGAATCTAA	1320
GCTATAGCAG	GGATGATTTA	TGCAAATTTG	AACTAGCTTC	TTTGTTTACA	ATTGAGTTCC	1380
TCCCAACCAA	CCAGTCTTCA	CTTCAAGAGG	GCCCACTGCT	AACCTCAGCT	TAACATGAAT	1440

AACAAAGACT GGCTCAGGAG CAGGGCTTGC CCAGGCATGG TGGATCACCG GAGGTCAGTA1500
GTTCAAGACC AGCCTGGCCA ACATGGTGAA ACCCCACCTC TACTAAAAAT TGTGTATATC1560
TTTGTGTGTC TTCCTGTTTA TGTGTGCCAA GGGAGTATTT TTCACAAAGT TTCAAAACAG1620
GCCACAATTA ATTCAGGAGT TGGGAGGGAA AACCAGTGGC CATTCCAGTC TTTTGGCAA1680
TGGAAATGGG TGGGCGAAGG GGGTGTCTGGT T 1711

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

- (A) LÄNGE: 271 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162

RXGCPRXMPX AKSXXVXXTL GXLXPXPGXG LPNXXSEXRX CRAXWRXLPD RXLQMLXSPC 60
SPAXXGPAPP AGRXFXRGXA AXHAXPXXPR SLRASASRAQ SPACXLVVVC ASXILASXVL 120
XXSSRNASSS LSVRLADCAX VPQVNH PGLL ELSLSAVALV ADPAQAVQAX GWXLRSFSXX 180
XSVVXCCAGR XPLXVAXGXE GLXXRSRGIS SVLLXGLXAG RCTRELSLCD AGTPARACPX 240
SSPENFPEXL RLVPTAFPAW GHPXPVXPGC H 271

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163

LTCGTXAQSA NLTDKELEAF REEXXSTFEA KIXEAXTTTR XXAGDCAREA EARRERGXXG 60
XACXAAXPRX KXRPAAGGAGP KXAGLHGEYS ICRXLSGRXL XXARXQRXSE XXLGXPPXPGX 120
GXRXPVXXT XXLLAXGIXR GQXPXQGGWG WHXVSRQEGX VSGDXQPLPS RHXGLVVVAI 180

WV

182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 176 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164

```
PVGPXRSPT  SRTRSWRRSG  RSXXAXSKPK  SXKHXPPEX  XLEIAHEKLR  HAESVGRXAX  60
RVEPXSRRXS  XALLEGXD XR  XLGYTVXEAS  AGXCPAGXSX  ELGXNEXLXG  XWGXPSPAXE  120
XGXXAXXGPX  GSWPVAFXVD  SPAVRVAGAG  TGCRGRKDXF  LVTCSRCRRD  TXAWWW      176
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 165

```
IPEDPHIDES  KAKHQAIIMS  TSLRVSPSIH  GYHFDASRK  KAVGNIFENT  DQESLERLFR  60
NSGDKKAEER  AKIIFAIQD  VEEKTRALMA  LKKRTKDKLF  QFLKLRKYSI  KVH          113
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 166

QMQHFAATLQ ASLLSGLQRL ERDRDWKGTR TEQTGYKDSK QFHALCCYRG EQNAFSKDLK 60
TLPSLQERID ADRAWTDVM RTKENRWLEM TFIQGHFVRP 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 167

GSSKMLHLL E SHKLTWSLNV HSWITSLSIL FSSVNFDGIF PQFQKLEKLV FCPLLQGHQG 60
TRFLHLILIY GKNDLGSLC FLVSRVSEEP F 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168

SLALDQMAY KALDTSSLVG EQVTSYLTKK FAELRSPNEF KVYMGHGGKP WVSDFSHPHY 60
LAGRRAMKT V FGVEPDLTRE GGSIPVTLTF QEATGKNVML LPVGSADDGA HSQNEKLNRY 120
NYIEGTKMLA AYLYEVSQLK D 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

- (A) LÄNGE: 389 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 172

SVLFCPLHHP HPPPSGVCAA AAVAAAAAAA ARPVVTPTRG SLFPLLDLLS FFVEEASMG 60
QFSKTAAKGE AAAERPGEAA VASSPSKANG QENGHVKVNG DASPAAESG AKEELQANGS 120
APAADKEEPA AAGSGAASPS SAEKGEPAAA AAPEAGASPV EKEAPAEGEA AEPGSATAAE 180
GEAASAASST SSPKAEDGAT PSPSNETPKK KKKRFSFKKS FKLSGFSFKK NKKEAGEGGE 240
AEAPAAEGGK DEAAGGAAAA AAEAGAASGE QAAAPGEEAA AGEEGAAGGD PQEAKPQEEA 300
VAPEKPPASD ETKAAEPPSK VEEKKAEAG ASAAACEAPS AAGPGAPPEQ EAAPAEPPAA 360
AAASSACAAP SQEAQPECSF EAPPAAEAA 389

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

- (A) LÄNGE: 238 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 174

GAATESQTRP SCPGAARIPL ATIPTQIASC PWMSRAALTP PHTRQTARTM GWELRKNGTR 60
PGAPSTAPPK GTLWPTTFRP AGPTQSLAES DSEDPSGKPR LKVETKVSVE LHREEQGS HR 120
GEYPPEPGER GRTGLASSQP PEQRKGILKN KVTYPPPLTL TEQTLKGRLR EKLADCEQSP 180
TSSRTSSLGS GGPDCAITVK SPGREPGRDH LNGVAMNVRT GSAQADGSDS EGSNETSI 238

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

- (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 175

SFITA FRVGA IGLGAPSAHI HGHPVEVVTP RLPPRALDCD GAVGAARAQG RRARGCGALL 60
TVGQLLPEPA LQRLLRQRQR RRVGDFIFQD AFPLLWGLAA SKPCAPPLSW FRGVLSTVTA 120
LLLAVQLHAD LGLHLQAGLA AGVLTVTLSQ ALGRASRPER GWPQRPLWGC CGRRPWPGPI 180
FPQLPPHRPR CLTSVRRRKS CSAHPGTARY LSRNRGQGDP CSSWA 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

- (A) LÄNGE: 344 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 177

TSGSLPPSAR PESTTSSPPS APALPSVSPG SSPRPGDQEP PALRCGREAL AGAEKLGGV 60
PGPEGRGAGA QGREHPAPLP RLLLPSPPLP VPCKQQPELP SVRAAEMSSS SPPAGAASAA 120
ISASEKVDGF TRKSVRKAQR OKRSQGSSQF RSQGSQAE LH PLPQLKDATS NEQQELFCQK 180
LQCCILFDF MDSVSDLKSK EIKRATL NEL VEYVSTNRGV IVESAYS DIV KMISANIFRT 240

LPPSDNPDEFD PEEDEPTLEA SWPHIQLVYE FFLRFLESPD FQPSIAKRYI DQKFVQQLLE 300
LFDSEDPRE R DFLKTVLHRI YGKFLGLRAF IRKQINNIFL RFXI 344

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 178

QKSSCCSFEV ASLSWGSGCS SAWLPWLRNC DEPWERFCLC ALRTDFRVKP STFSEAEMAA 60
LAAPAGGDDD DISAALTGGS SGCCLOGTGS GGDGRRRRGR GAGCSRPCAP APRPSGPGTP 120
PSFSSAPANA SRPHLSAGGS WSPGRGELPG LTEGRAGAEG GEEVVD SGRA DGGREPEV 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 179

DVAVRRWRAP RRSSAASRGR RAVGPGRGA STPRLSPASS CRLRRCPCA SSSRSCQASG 60
PRRCRRRRRR RGLPAPPSRP RRKWTASPGN RSARRRGRSA PRARRSFAAR AARQSTRCP 120
SSKMPLQMNN KSFSVRSCSS VVYCLISWTL FQT 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- (A) LÄNGE: 564 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 180

GVIILDDIHE	RSIATDVLLG	LLKDVLLARP	ELKLIINSSP	HLISKLNSYY	GNVPVIEVKN	60
KHPVEVVYLS	EAQKDSFESI	LRLIFEIHHS	GEKGDIVVFL	ACEQDIEKVC	ETVYQGSNLN	120
PDLGELVVVP	LYPKEKCSLF	KPLDETEKRC	QVYQRRVLT	TSSGEFLIWS	NSVRFVIDVG	180
VERRKVYNPR	IRANSLVMQP	ISQSQAIRK	QILGSSSSGK	FFCLYTEEFA	SKDMTPLKPA	240
EMQEANLTSM	VLFMKRIDIA	GLGHCDFMNR	PAPESLMQAL	EDLDYLAALD	NDGNLSEFGI	300
IMSEFPLDPQ	LSKSILASCE	FDCVDEVLT	AAMVTAPNCF	SHVPHGAEEA	ALTCWKTFH	360
PEGDHFTLIS	IYKAYQDTTL	NSSSEYCEVK	WCRDYFLNCS	ALRMADVIRA	ELLEIIKRIE	420
LPYAEPAFGS	KENTLNKKA	LLSGYFMQIA	RDVDGSGNYL	MLTHKQVAQL	HPLSGYSITK	480
KMPEWVLFHK	FSISENNYIR	ITSEISPELF	MQLVPQYYFS	NLPPSESKDI	LQQVVDHLSP	540
VSTMNKEQQM	CETCPETEQR	CTLQ				564

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

(A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 183

KLNHVLELKA	KGKKSSPVLN	GTARVQEWKE	HSLQEASAHH	SVVIKPLSQS	GMEEGAPLPA	60
SGPDLWAWLI	PALESEGMTG	TFTSAGLKSL	SSSEAGSLLL	GEVLRNLWKG	KNYARPQCIP	120
RMRTMAAAD	NSGSNTKTDD	KGQCPAKEST	LLLLRLVFTH	GKDLLQYFLD	IFIHLALHSI	180
QKMHSVN						187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 184

```
KEKENIQTLL KSKEQEVNEL LQKFOOQEE LAEMKRYSES SSKLEEDKDK KINEMSKEVT 60
KLKEALNSLS QLSYSTSSSK RQSQQLEALQ QQVKQLQNQL AECKKQHQEV ISVYRMHLLY 120
AVQGQMDADV QKVLKQILTM CKNQSQKK 148
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185

```
MISRRTVSTN LFFNFEAKNP DMVILWCIAE VSEKKYFCSL YFQVKNVSNT LATSLMALIL 60
LRERDRILDS PKYLTERAC SDRHVPQGC LASVGAWLCW MIC 103
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187

AACLALRIAA AMASQSQGIQ OLLQAEKRAA EKVSEARKRK NRRLQAKEE AQAEIEQYRL 60
QREKEFKAKE AAALGSRGSC STEVEKETQE KMTILQTYFR QNRDEVLDNL LAFVCDIRPE 120
IHENYRING 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190

LTAARRERAA RAGGGGAELG ASLVAPTTCL PTGQPSGTLT TAWSLSCGQP RTEALRHGAR 60
LPPGRQVPHV RLQPALLAGR LWRAGCRHLA GRHTGELRHA VLFLPVPVGC QPAHHHRRLC 120
HGHRLRGLPG CHQGEQVPPA HFLPVLLVFL LEATIAILFF AYTDKIDRYA QQDLKKGLHL 180
YGTQGNVGLT NAWSIQTDF RCCGVSNYTD WFEVYNATRV PDSCCLEFSE SCGLHAPGTW 240
WKAPCYETVK VWLQENLLAV GIFGLCTALV QILGLTFAMT MYCQVVKADT YCA 293

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

(A) LÄNGE: 168 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192

STWRQEQIGC FIMDGGDDGN LIIKKRFVSE AELDERRKRR QEWEKVRKP EDPEECPEEV 60
YDPRSLYERL QEQRDRKQEE YEEQFKFKNM VRGLDEDET N FLDEVSRQEE LIEQRREEE 120
LKELKEYRNN LKKVGISQEN KKEVEKKLT V KPIETKNKFS QAKCWQEL 168

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193

PQEGWNFSRE QEGSGKETDC EAYRNQEQVL PGEVLAGAVK HKSSSESGNSV KRLKPDPEPD 60
DKNQEPSSCK SLGNTSLSGP SIHCPSAAVC IGILPGLGAY SGSSDSESSS DSEGTINATG 120
KIVSSIFRTN TFLEAP 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

- (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 194

WCLRCLSWTR SRCQSRHPG LGGCRYILQQ RGSGWRGHSG RCFRETCRMR ALDSCHLAQG 60
PVSFVSHCCH SLSSYASQLL PTLRLGELVL GFYRLHSQFL FHFLVLLRN SNLLEVISVF 120
LQFFQFFFSS LLFY 134

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 195

LPLRLRLFDF SLLSFLCLLD FSLLLLLLRF PAFLRLRLLL CFLSLLLLLL CFFSFLESLL 60
SSLCRLSSL SLCFFSSTSP LLLCSLDLSF LVHFLFPYHS HDLVFYLSHF LSLFLDPCPF 120
YPLSYHDFDC DFYAPPYFCC ACVLTPGQYF GIFAVLSPFL WLHALVAGVL SLFLILCQN 179

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 196

IFLCWDYVPV FLIFQHCQFF LDCHFDFVYL IFLYFHFYVY LISLCFYFYF VSLHIFYFDSY 60
FCVSFLCFCF YCVFSLSWNL FCHLCAAYHL CLLYVSSLLP LPYFSVPWTF LFSFISSEFLI 120
IVTISSSTSL IFFLSFSIPV PSIPFPITTS TATSMFPPTS AAPAF 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 163 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 197

```
TRKERSKEQR SRGEVEEKHH KEDKDDRRHR DDKRDSKKEK KHSRERSRER KHSRERSRNR 60
AGKRSRERSK EKSSKHKNES KEKSNKRSRS GSQGRDTSVE KSKKREHSPS KEKSRKRSRS 120
KERSHKRDHS DSKDQSDKHD RRRSQSIEQE SQEKQHKNKD ETV 163
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

(A) LÄNGE: 335 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 198

```
RRATLEHPAL VPLQPAEMVE LMFPLLLLLL PFLLYMAAPQ IRKMLSSGVC TSTVQLPGKV 60
VVVTGANTGI GKETAKELAQ RGARVYLACR DVEKGELVAK EIQTGTGNQQ VLVRKLDLSD 120
TKSIRAFAGK FLAEKHLHV LINNAGVMC PYSKTADGFE MHIGVNLGH FLLTHLLEK 180
LKESAPSRIV NVSSLAHHLG RIHFHNLQGE KFYNAGLAYC HSKLANILFT QELARRLKGS 240
GVTTYSVHPG TVQSELVRHS SFMRWMMWLF SFFIKTPQQG AQTSLHCALT EGLEILSGNH 300
FSDCHVAWVS AQARNETIAR RLWDVSCDLL GLPID 335
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1712 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 201 :

```

gtggcagaaa acctcatgac acaatctctc cgccctccctg tgttggtgga ggatgtctgc 60
agcagcattt aaattctggg agggcttggg tgtcagcagc agcaggagga ggcagagcac 120
agcatcgtcg ggaccagact cgtctcaggc cagttgcagc cttctcagcc aaacgccgac 180
caaggaaaac tcactaccat gagaattgca gtgatttgct tttgcctcct aggcatcacc 240
tgtgccatac cagttaaaca ggctgattct ggaagtctctg aggaaaagca gctttacaac 300
aaatacccag atgctgtggc cacatggcta aaccctgacc catctcagaa gcagaatctc 360
ctagccccac agaatgctgt gtcctctgaa gaaaccaatg actttaaaca agagaccctt 420
ccaagtaagt ccaacgaaag ccatgaccac atggatgata tggatgatga agatgatgac 480
gaccatgtgg acagccagga ctccattgac tcgaacgact ctgatgatgt agatgacact 540
gatgattctc accagtctga tgagtctcac cattctgatg aatctgatga actggtcact 600
gattttccca cggacctgcc agcaaccgaa gttttcactc cagttgtccc cacagtagac 660
acatatgatg gccgagggtga tagtgtggtt tatggactga ggtcaaaatc taagaagttt 720
cgcgacacctg acatccagta ccctgatgct acagacgagg acatcacctc acacatggaa 780
agcgaggagt tgaatggtgc atacaaggcc atccccgttg cccaggacct gaacgcgcct 840
tctgattggg acagccgttg gaaggacagt tatgaaacga gtcagctgga tgaccagagt 900
gctgaaaccc acagccacaa gcagtccaga ttatataagc ggaaagccaa tgatgagagc 960
aatgagcatt ccgatgtgat tgatagtcag gaactttcca aagtcagccg tgaattccac1020
agccatgaat ttcacagcca tgaagatatg ctggttgtag accccaaaag taaggaagaa1080
gataaacacc tgaaatttcg tatttctcat gaattagata gtgcatcttc tgaggccaat1140
taaaaggaga aaaaatacaa tttctcactt tgcatttagt caaaagaaaa aatgctttat1200
agcaaaatga aagagaacat gaaatgcttc tttctcagtt tattggttga atgtgtatct1260
atgtgagtct ggaaataact aatgtgtttg ataattagtt tagtttggtg cttcatggaa1320
actccctgta aactaaaagc ttcagggtta tgtctatggt cattctatag aagaaatgca1380
aactatcact gtattttaat atttgttatt ctctcatgaa tagaaattta tgtagaagca1440
aacaataac ttttaccac ttaaaaagag aatataacat tttatgtcac tataatcttt1500
tgttttttaa gttagtgtat attttggtgt gattatcttt ttgtggtgtg aataaatctt1560
ttatcttgaa tgtaataaga atttggtggt gtcaattgct tatttgtttt cccacggttg1620
tccagcaatt aataaaacat aacctttttt actgcctaaa aaaaaaaga gaaaagaaa1680
aaaagaaaag aaaaaaaggg gagggagggg ag

```

1712

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1610 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 202 :

```
caggaggaat tctatgcctg acgcgggagc catgcgcccc ctccgccctg ccactcacta 60
gcatcttggg ggggtggccg ctgagtggca ggggacagga gtccactttg tttcgtgggg 120
aggtctaate tagatatcga cttgtttttg cacatgtttc ctctagtctt ttgttcatag 180
cccagtagac cttgttactt ctgaggttaag ttaagtaagt tgattcggta tccccccatc 240
ttgcttcctt aatctatggt cgggagacag catcagggtt aagaagactt tttttttttt 300
tttaaactag gagaaccaa tctggaagcc aaaatgtagg cttagtttgt gtgtgtcttc 360
ttgagtttgt cgtcatgtg tgcaacaggg tatggactat ctgtctgggt gccccgtttc 420
tggtggtctg ttggcaggct ggccagtcca ggctgccgtg gggccgccgc ctctttcaag 480
cagtcgtgcc tgtgtccatg cgtcagggc catgctgagg cctgggccgc tgccacgttg 540
gagaagcccg tgtgagaagt gaatgctggg actcagcctt cagacagaga ggactgtagg 600
gagggcgcca ggggcctgga gatcctcctg cagaccacgc ccgtcctgcc tgtggcgccg 660
tctccagggg ctgcttcctc ctggaaattg acgaggggtg tcttgggcag agctggctct 720
gagcgcctcc atccaaggcc aggttctccg ttagctcctg tggccccacc ctgggcctg 780
ggctggaatc aggaatattt tccaaagagt gatagtcttt tgcttttggc aaaactctac 840
ttaatccaat gggtttttcc ctgtacagta gattttccaa atgtaataaa ctttaataata 900
aagtagtcct gtgaatgcca ctgccttcgc ttcttgccctc tgtgctgtgt gtgacgtgac 960
cggacttttc tgcaaaccac aacatgttgg gaaacttggc tcgaatctct gtgccttcgt 1020
ctttcccatg gggagggatt ctggttccag ggtccctctg tgtatttget tttttgtttt 1080
ggctgaaatt ctcttgagg tcggtagggt cagccaaggt ttataaggc tgatgtcaat 1140
ttctgtgttg ccaagctcca agccccatct tctaaatggc aaaggaaggt ggatggcccc 1200
agcacagctt gacctgaggc tgtggtcaca gcggagggtg ggagccgagg cctaccccgcl 1260
agacaccttg gacatcctcc tcccaccggg ctgcagaggc cagaggcccc cagcccagggl 1320
ctcctgcaact tacttgctta ttgacaacg tttcagcgac tccgttggcc actccgagagl 1380
gtgggccagt ctgtggatca gagatgcacc accaagccaa gggaacctgt gtccggtatt 1440
cgatactgag actttctgcc tggagtgtat gactgcacat gactcggggg tggggaaagg 1500
ggtcggctga ccatgctcat ctgctgggtc gtgggacggg gcccaaacca gaggctgggt 1560
tcatttgtgt aacgacaata aacggtactt gtcatttcgg gcaaaaaaaaa 1610
```

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 156-158, 160-161
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzenoder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 156-158, 160-161 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.

8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
22. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198.
23. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs.
26. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.
27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 in sense oder antisense Form.
28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses.
29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.
30. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 71-148, 162-198.

31. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
33. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202.
34. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
35. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 450 bis 3500 bp aufweist.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

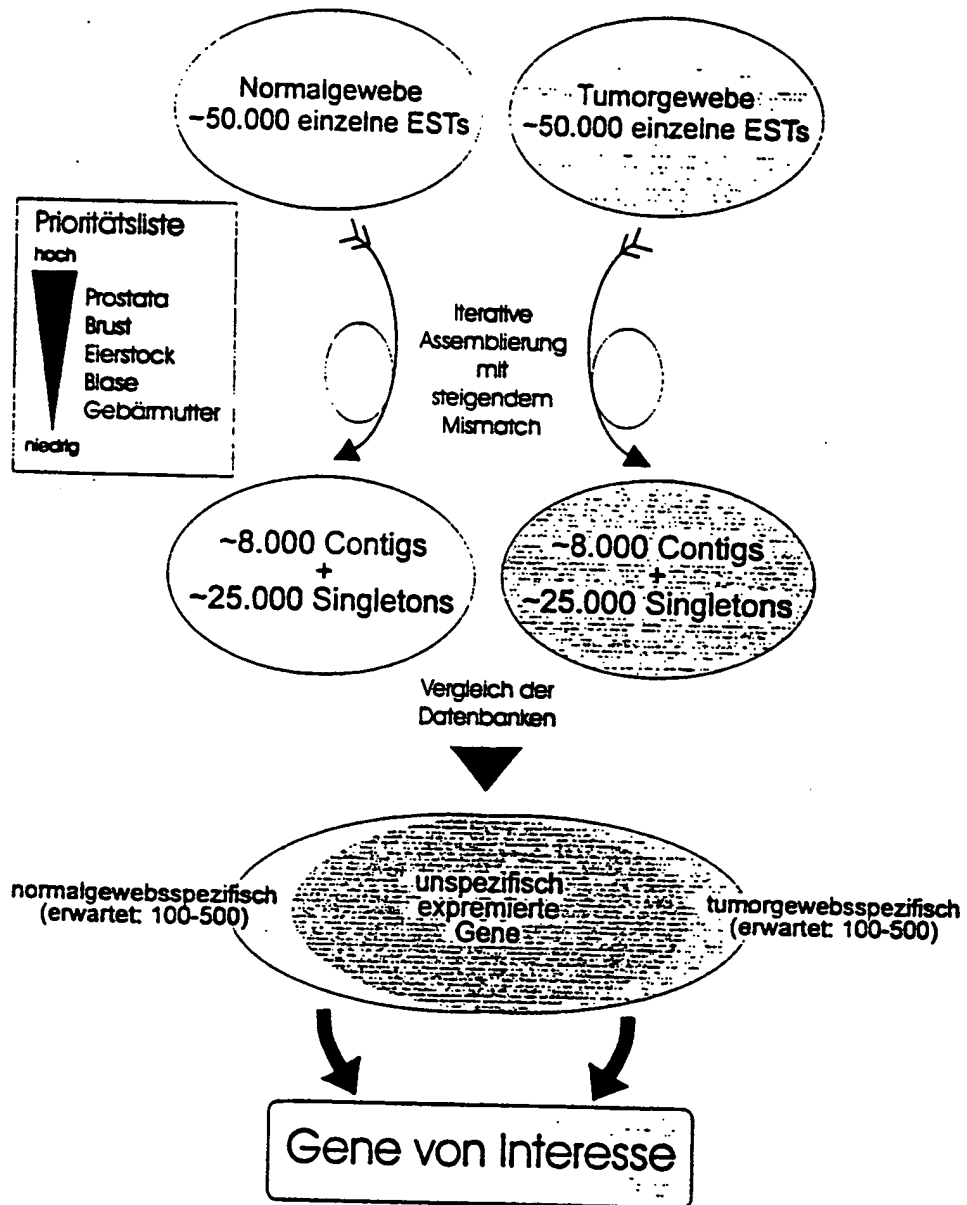


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

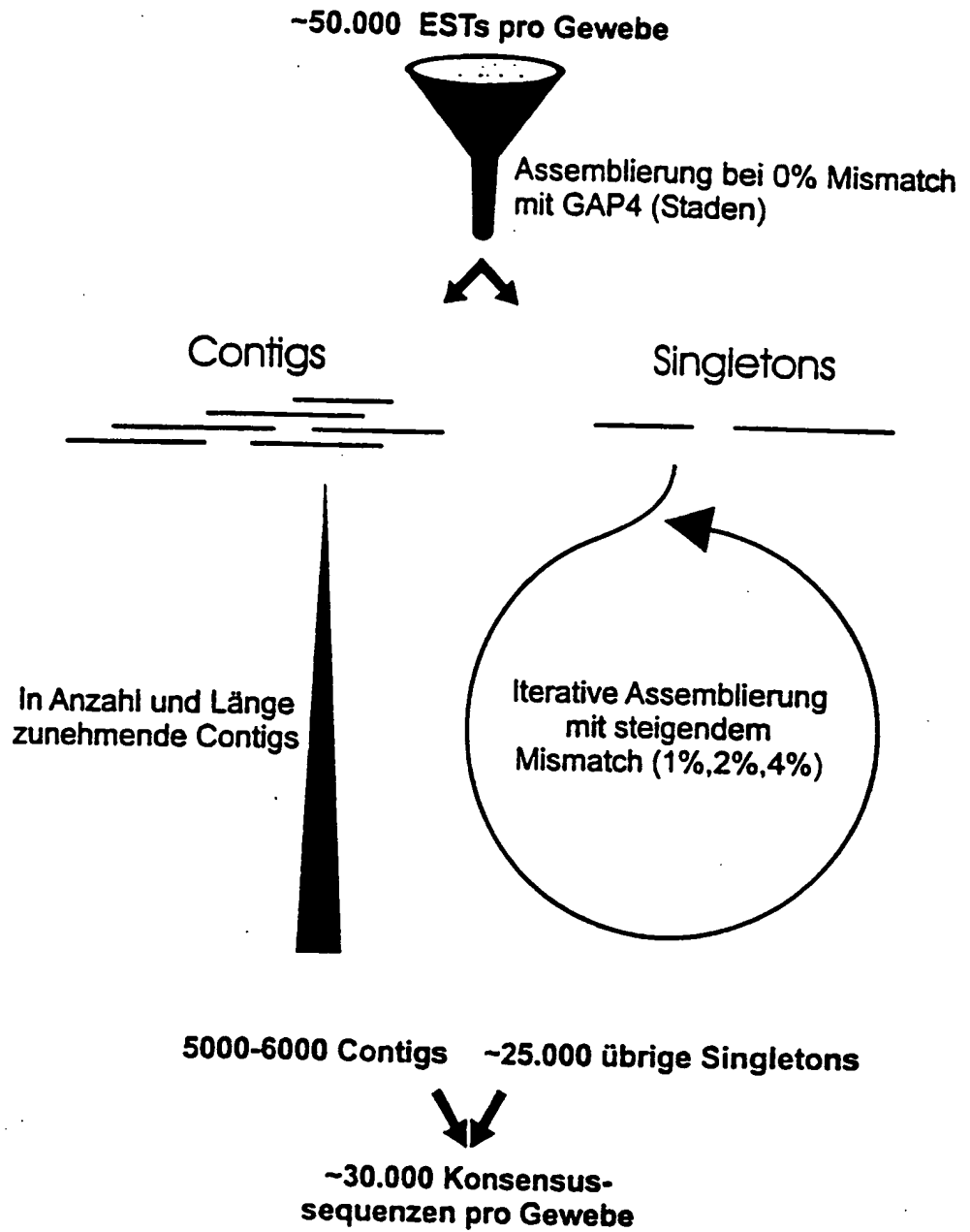


Fig. 2a

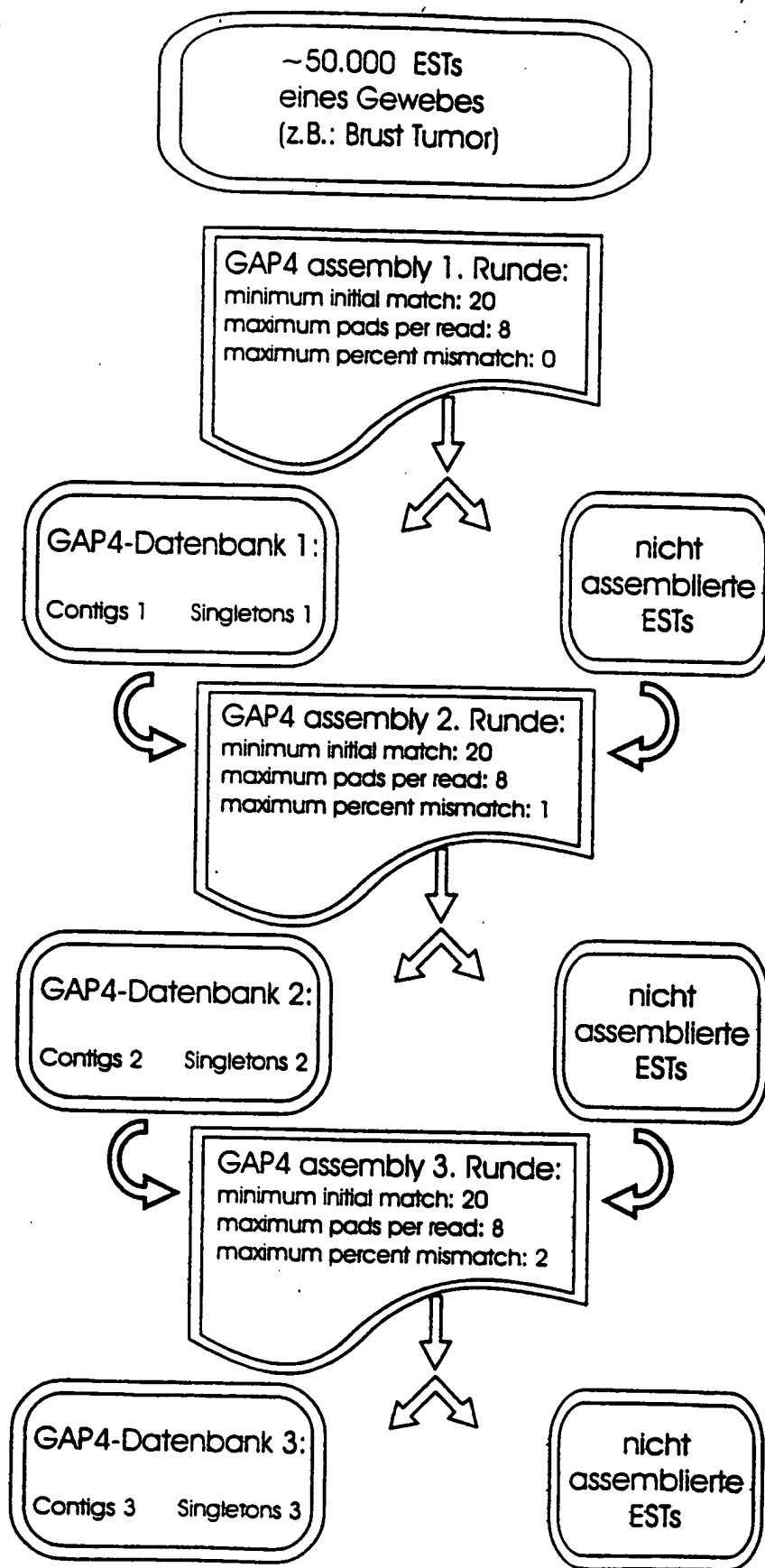


Fig. 2b1

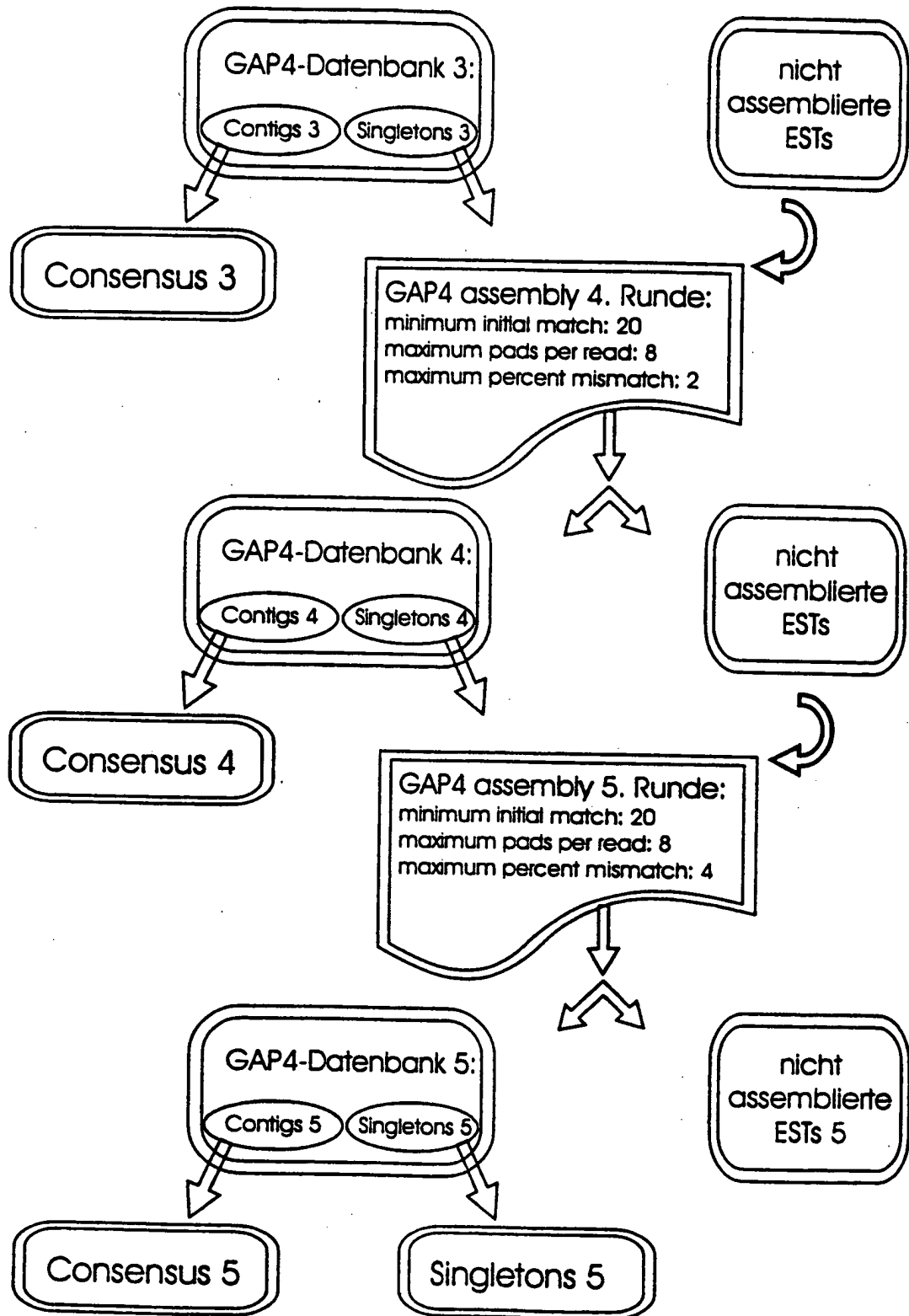


Fig. 2b2

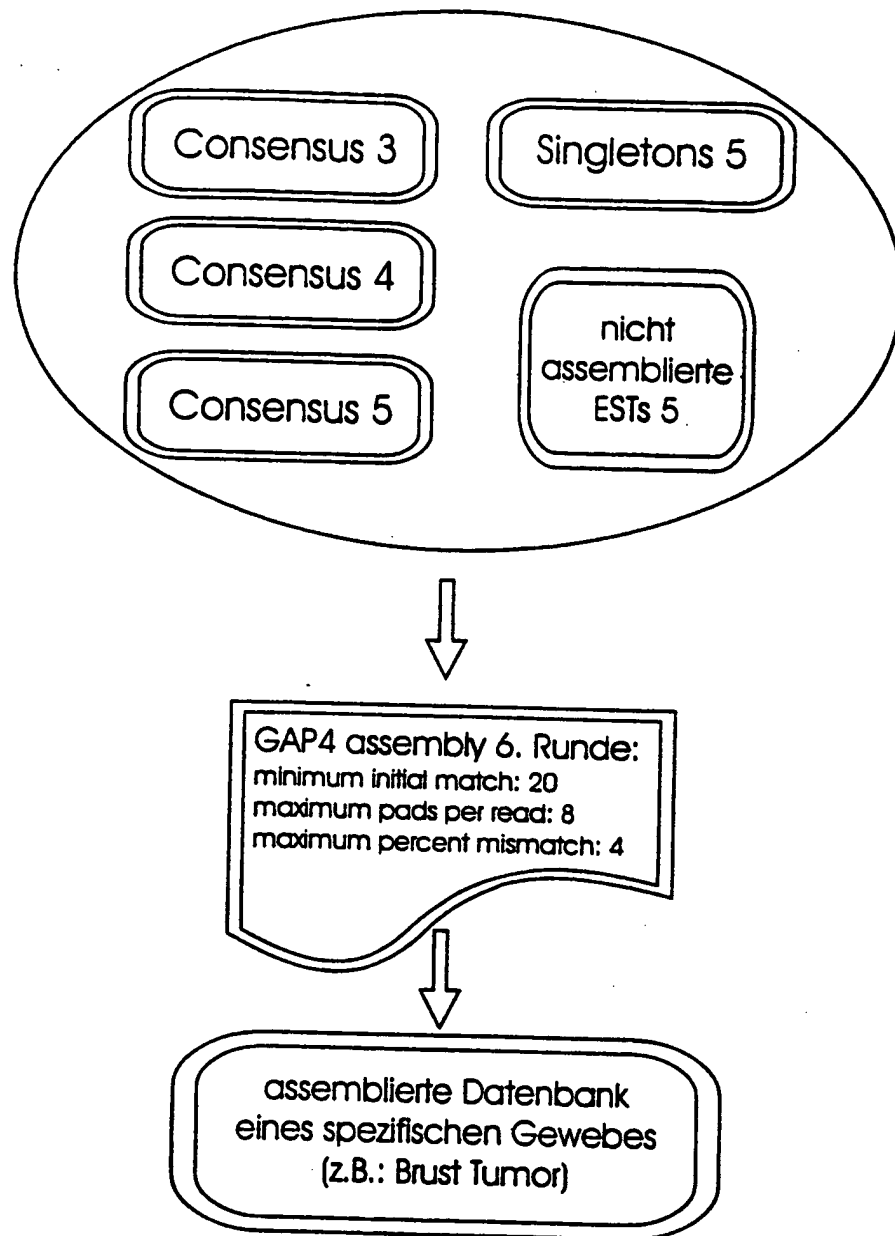


Fig. 2b3

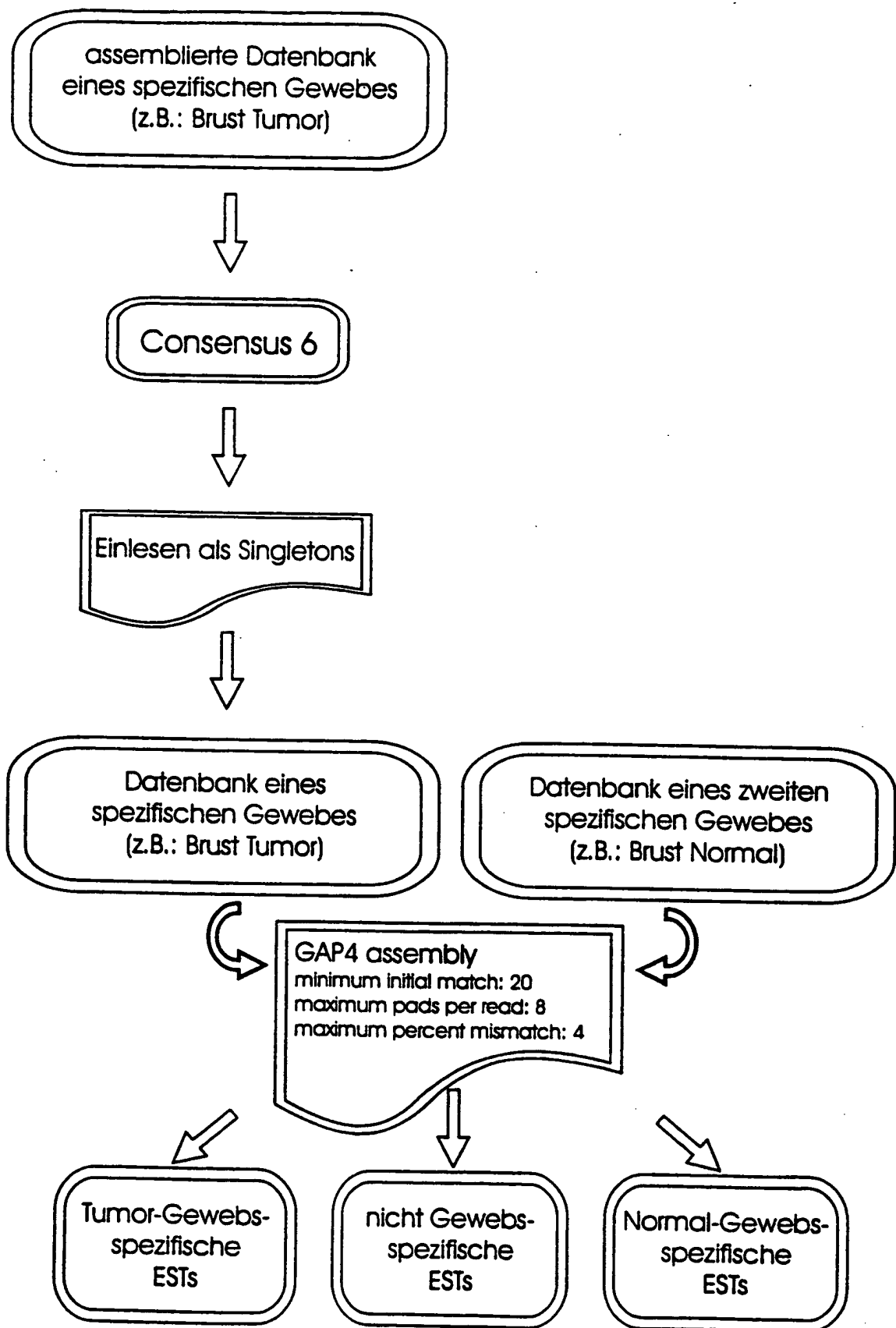


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

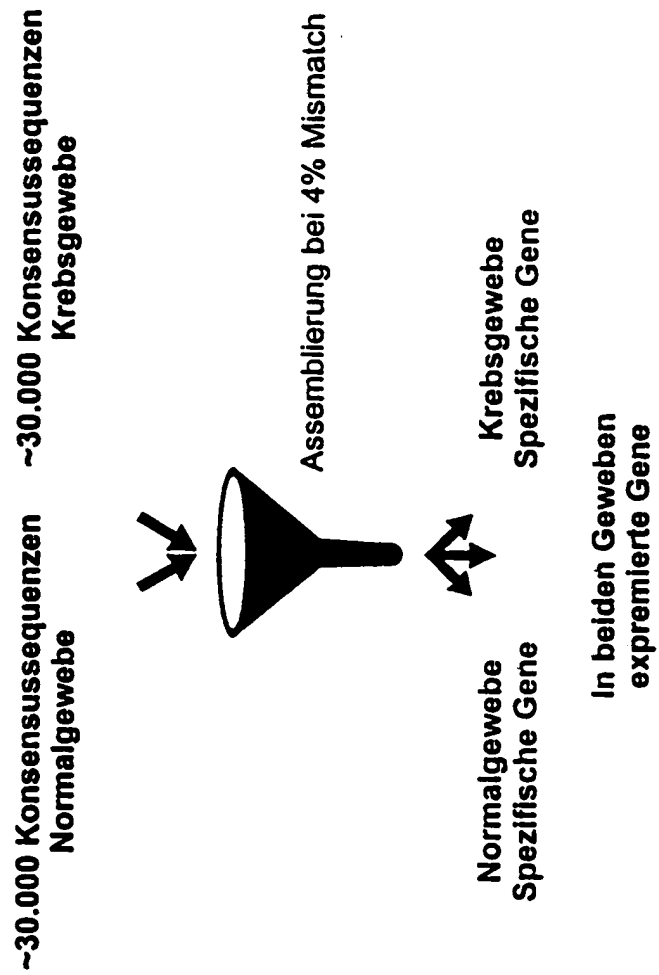


Fig. 3

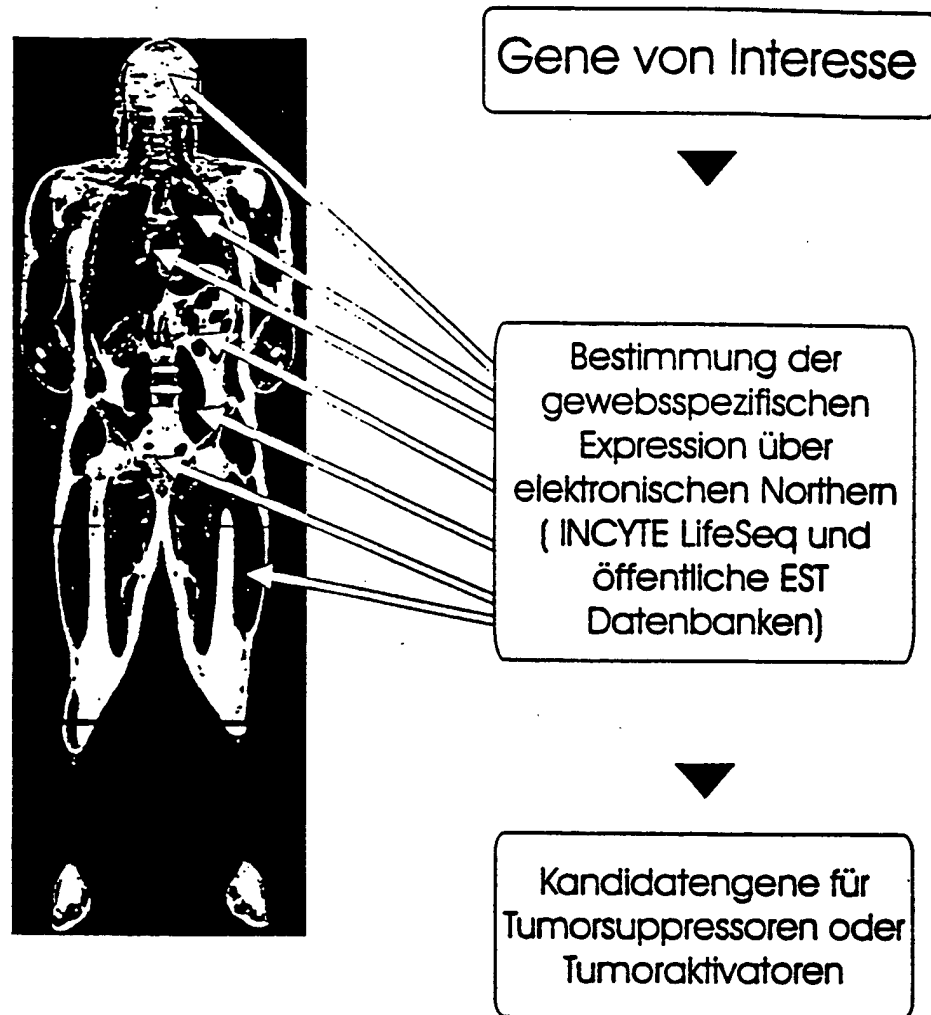


Fig. 4a

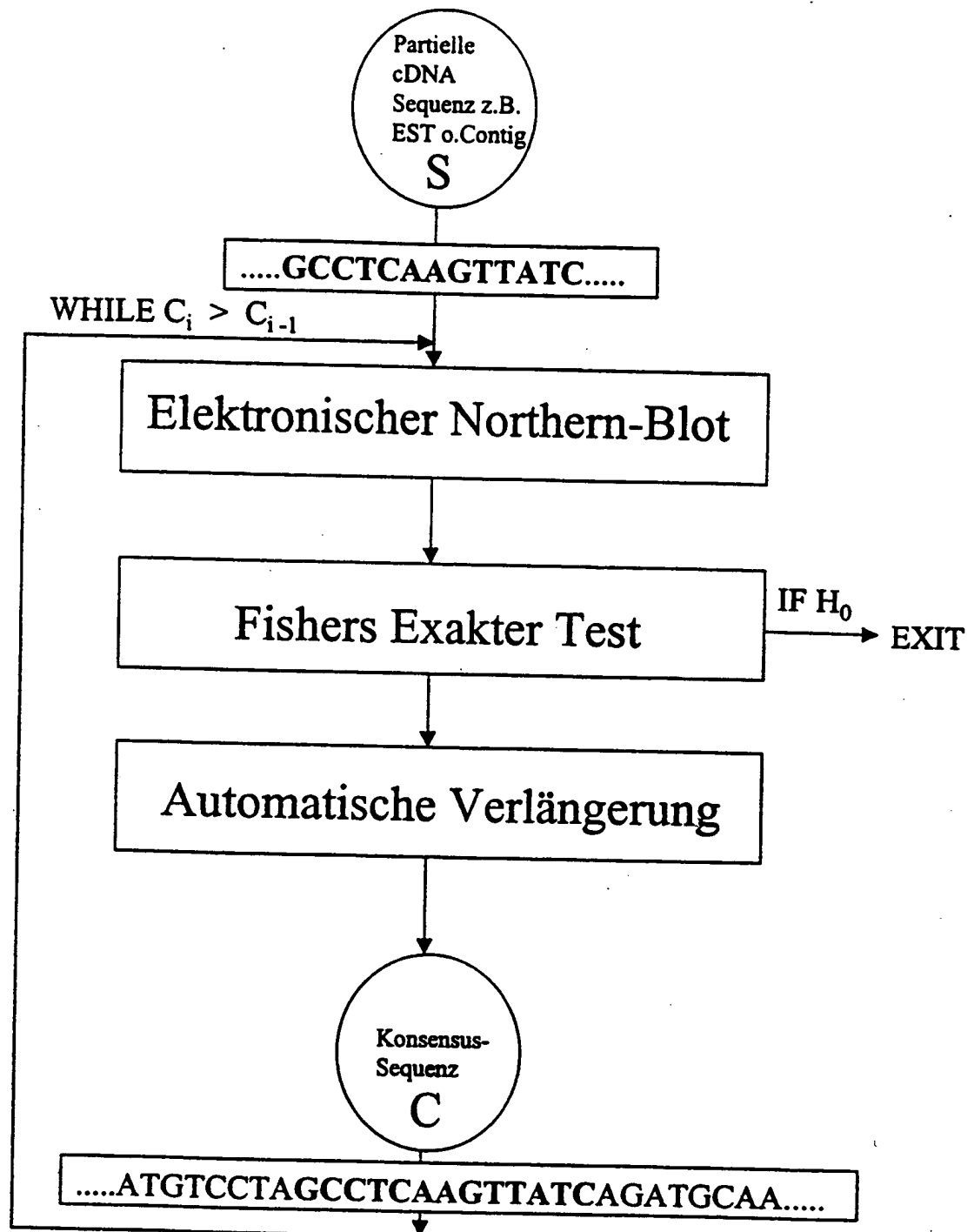


Fig. 4b

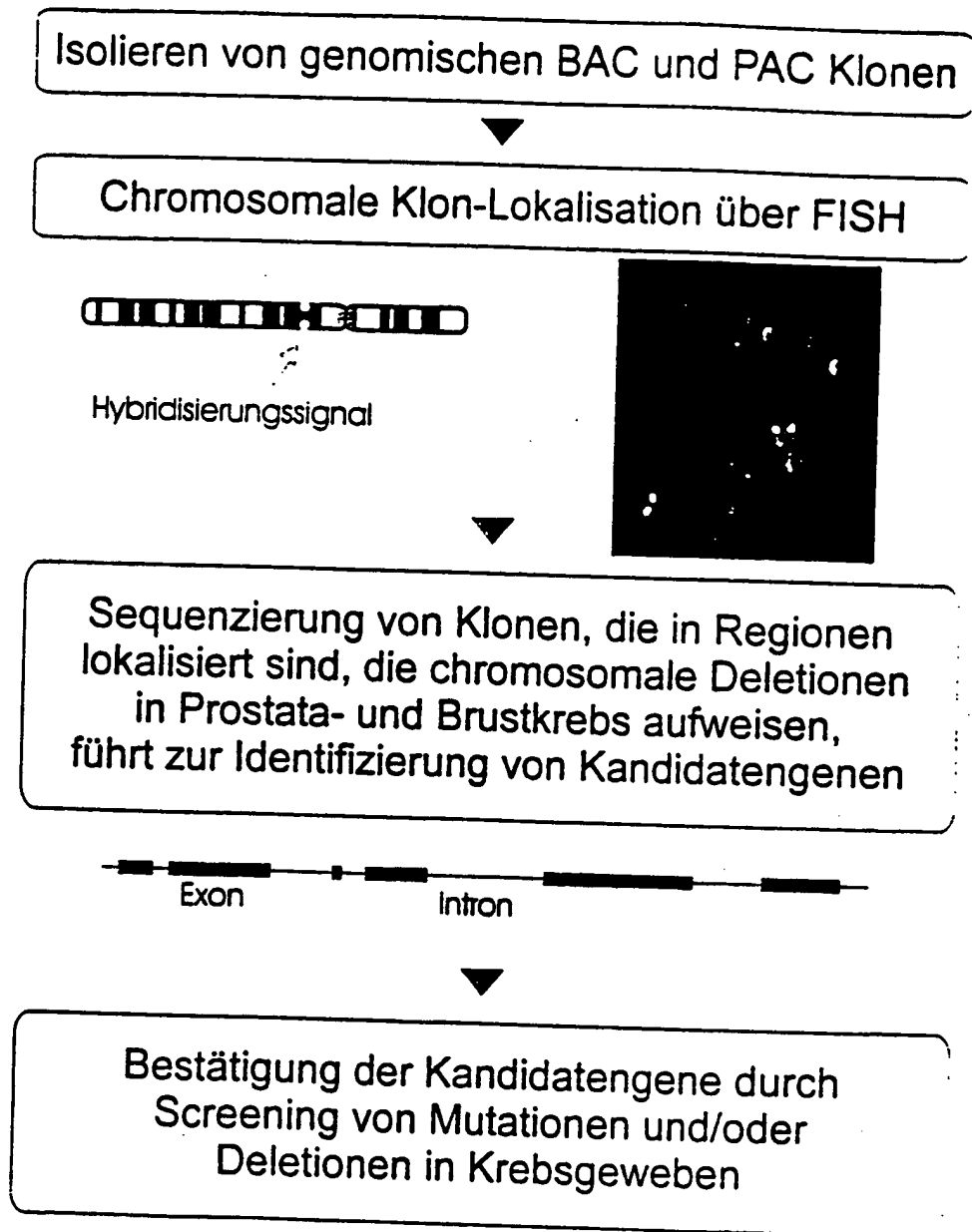


Fig. 5

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

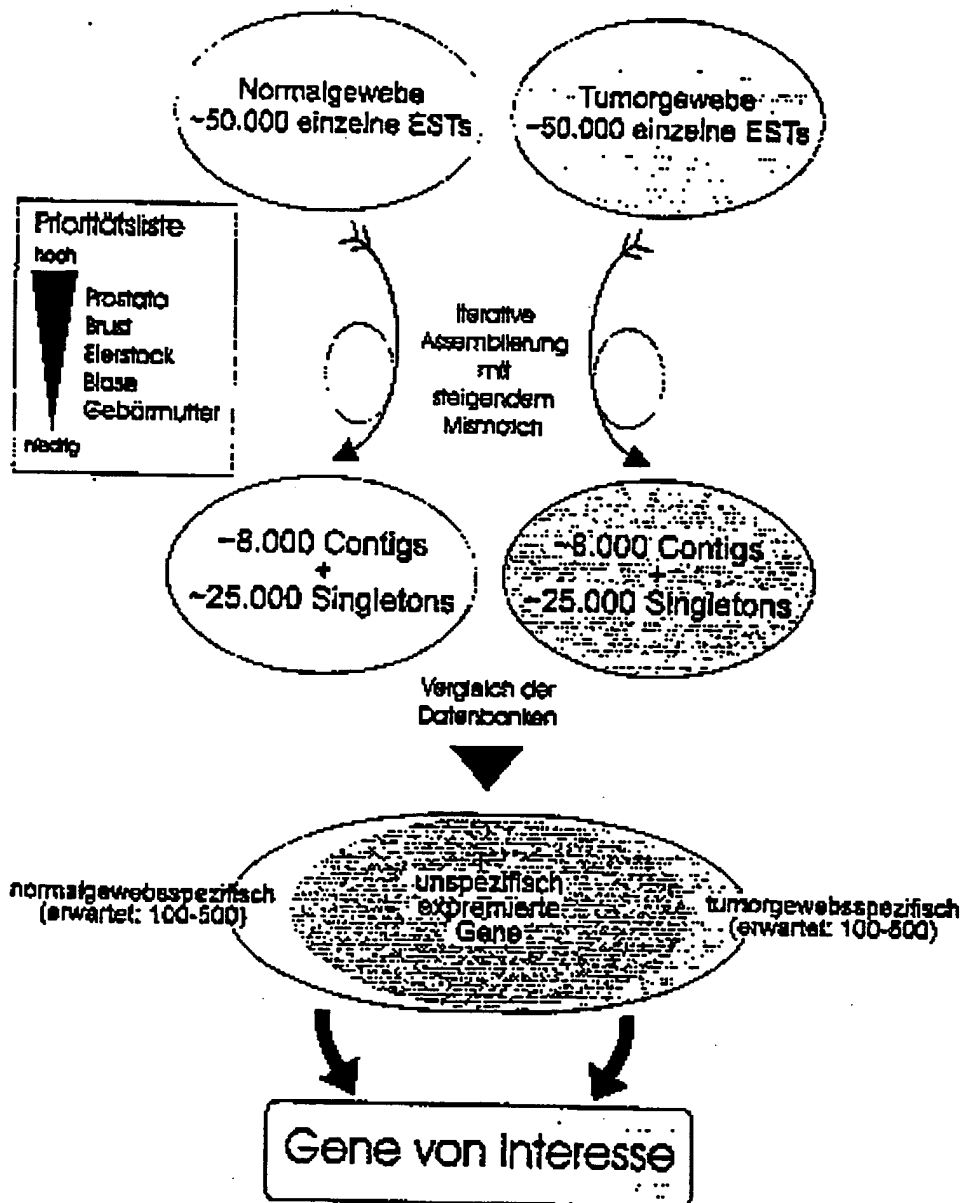


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

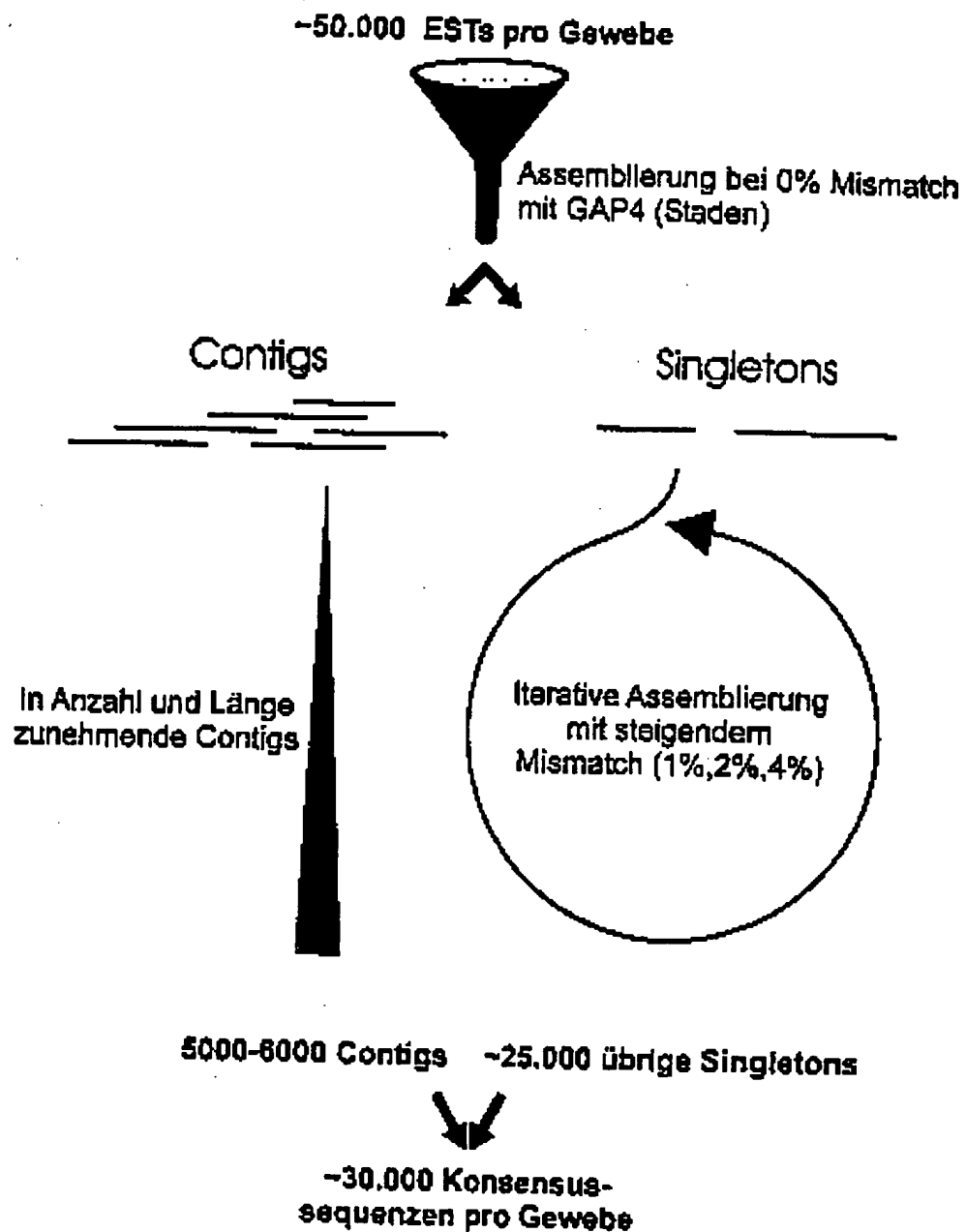


Fig. 2a

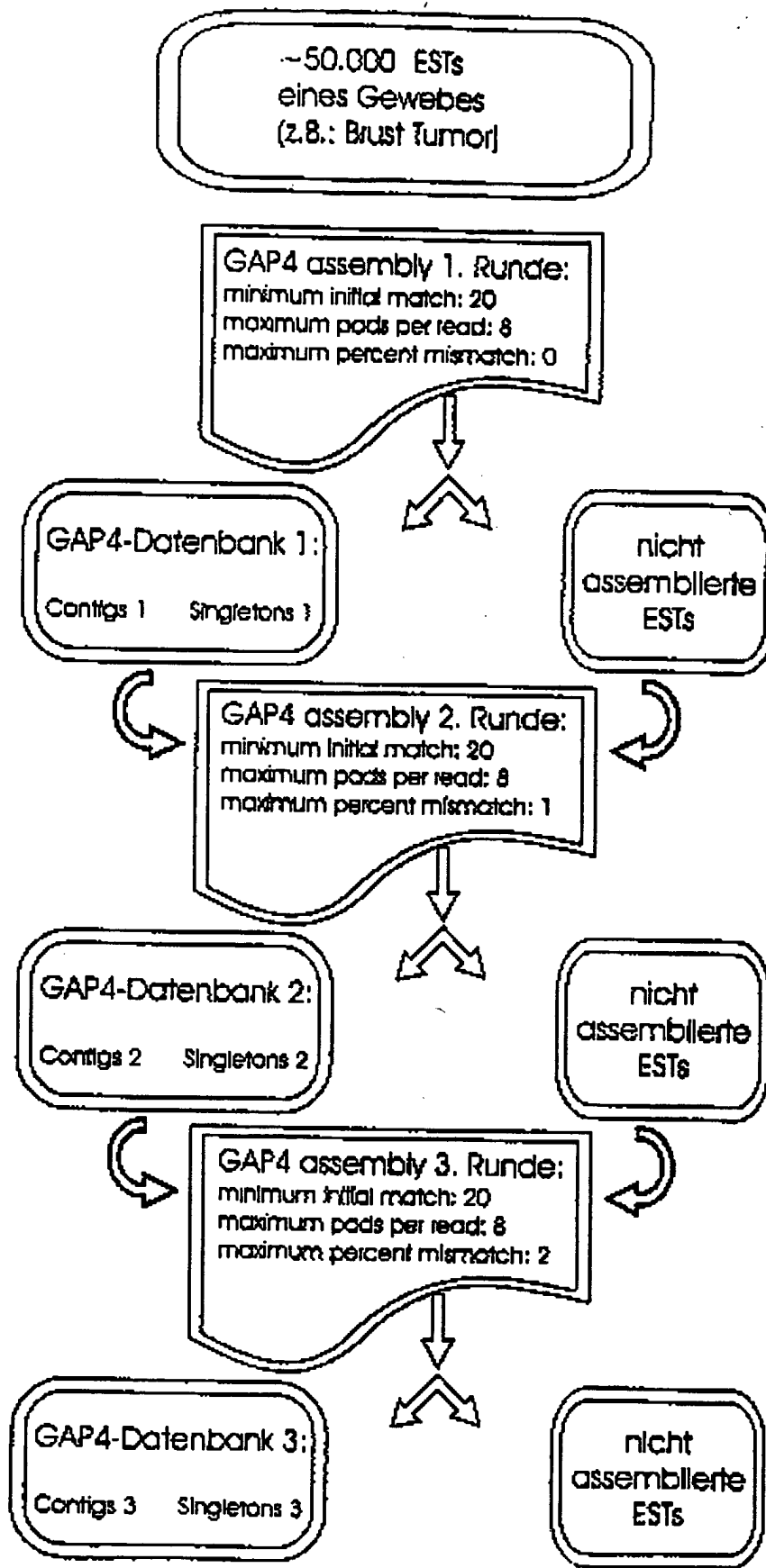


Fig. 2b1

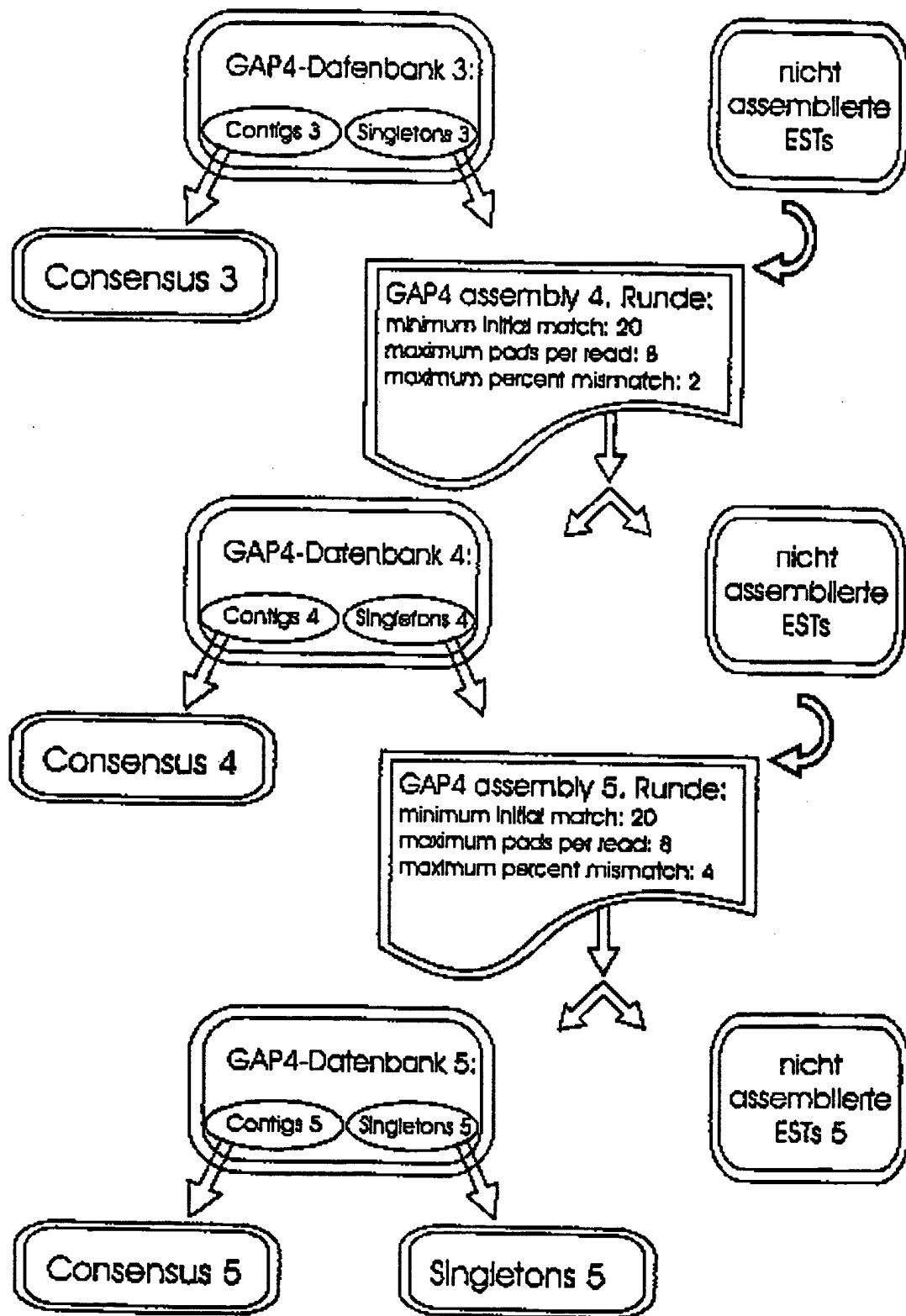


Fig. 2b2

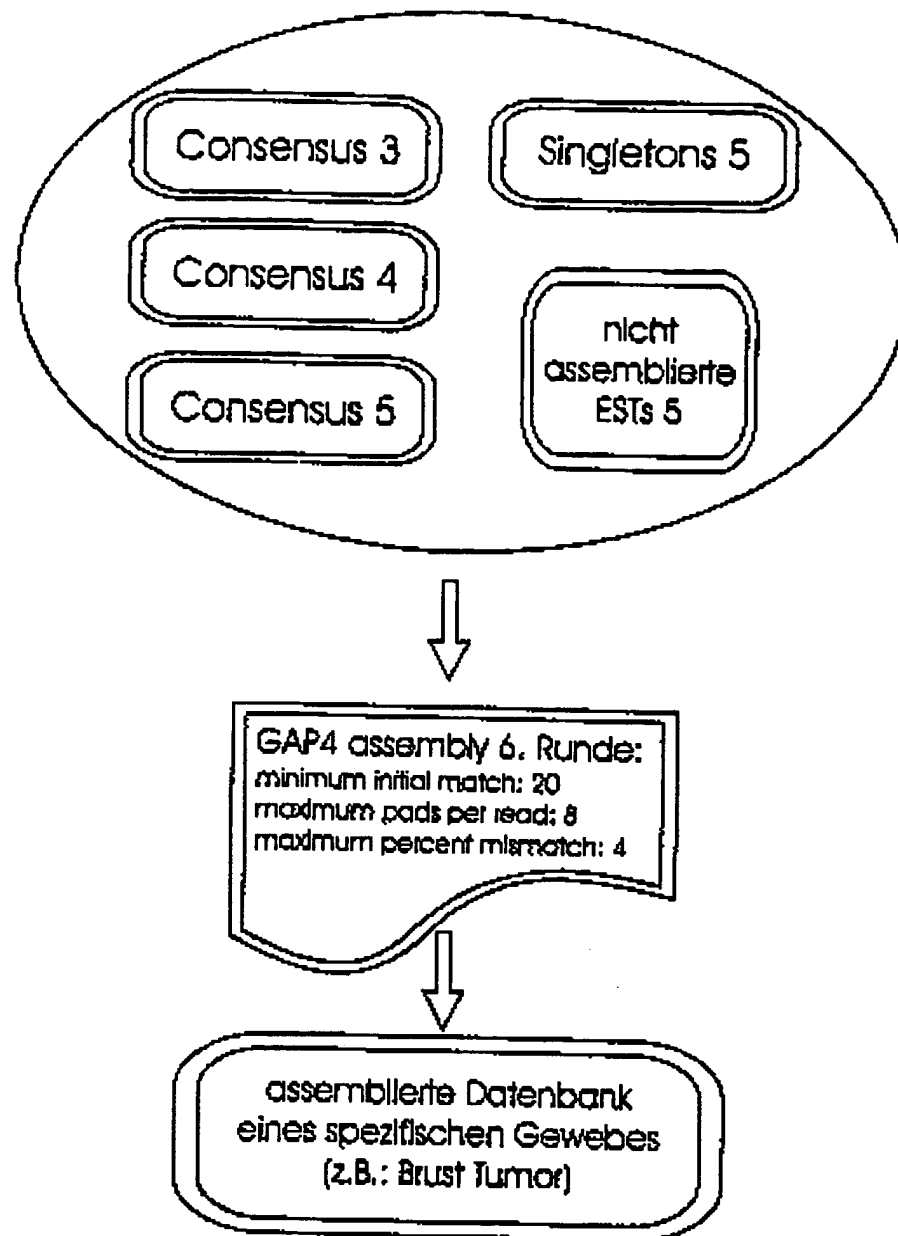


Fig. 2b3

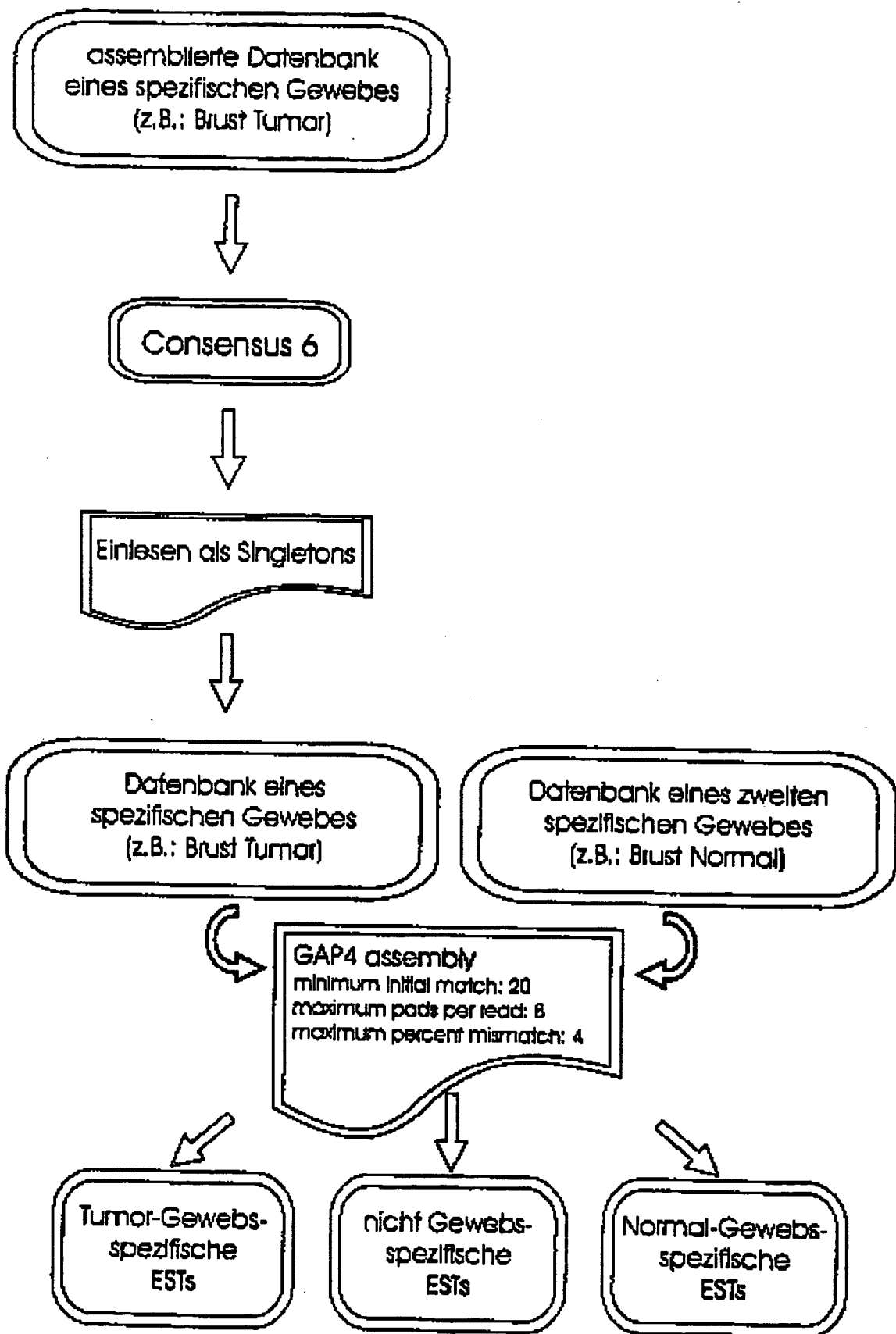


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

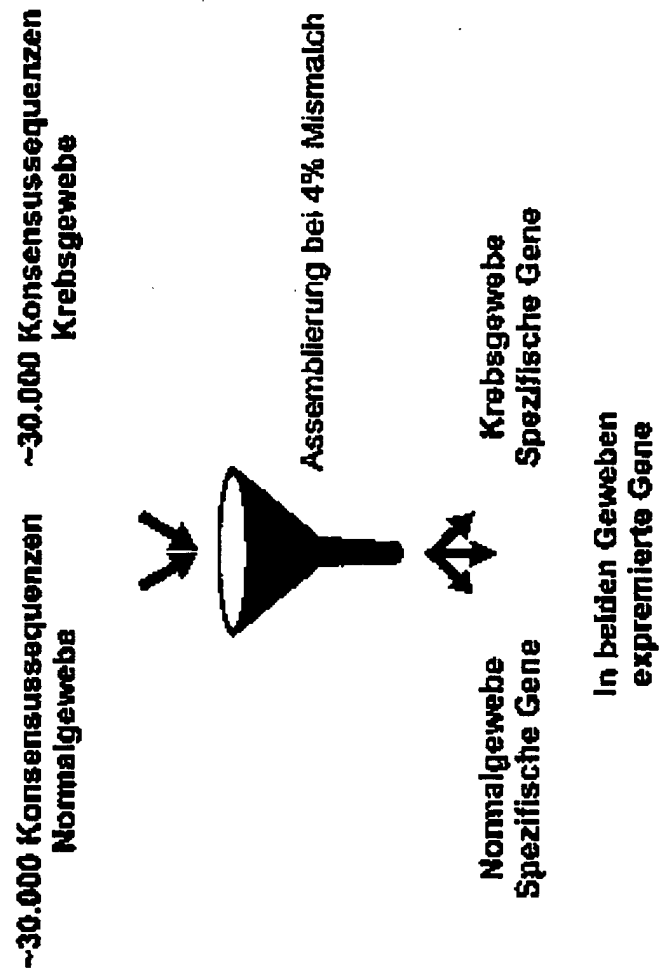


Fig. 3

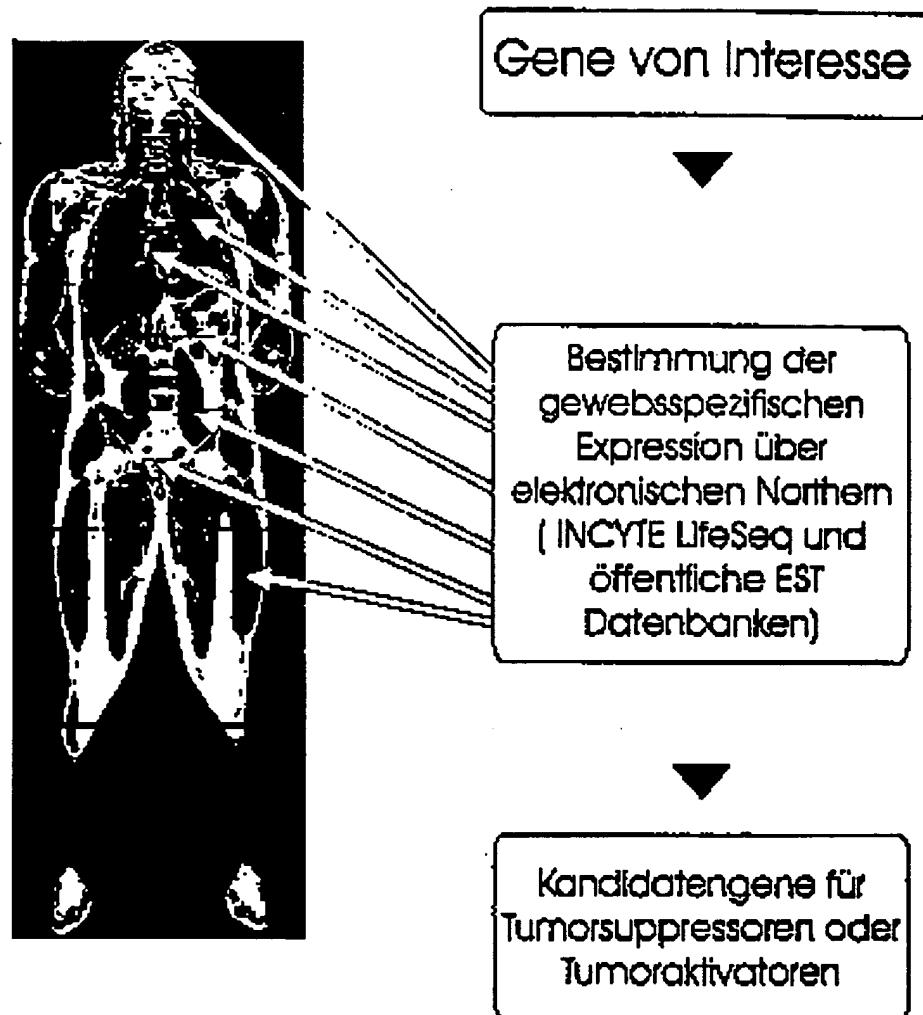


Fig. 4a

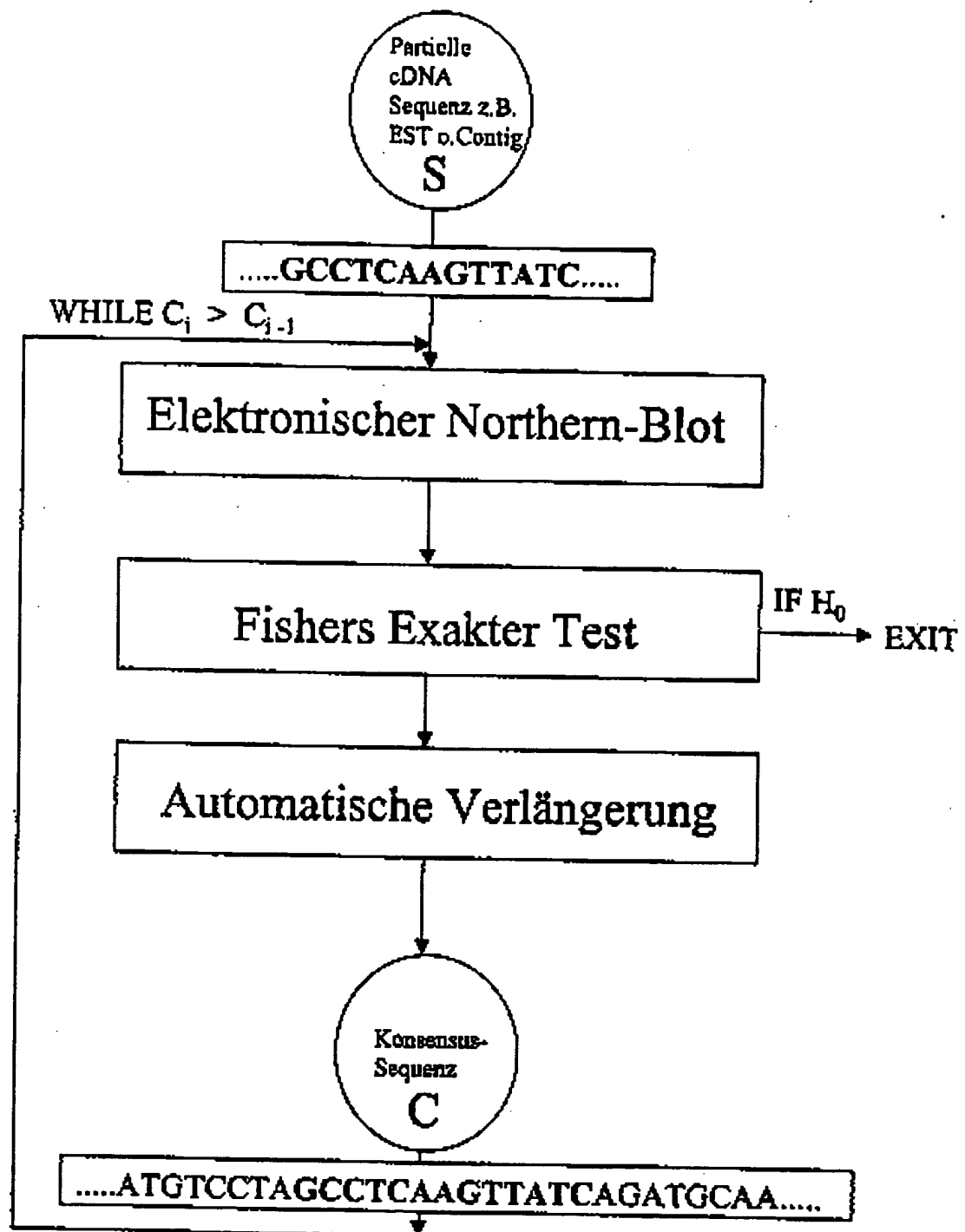


Fig. 4b

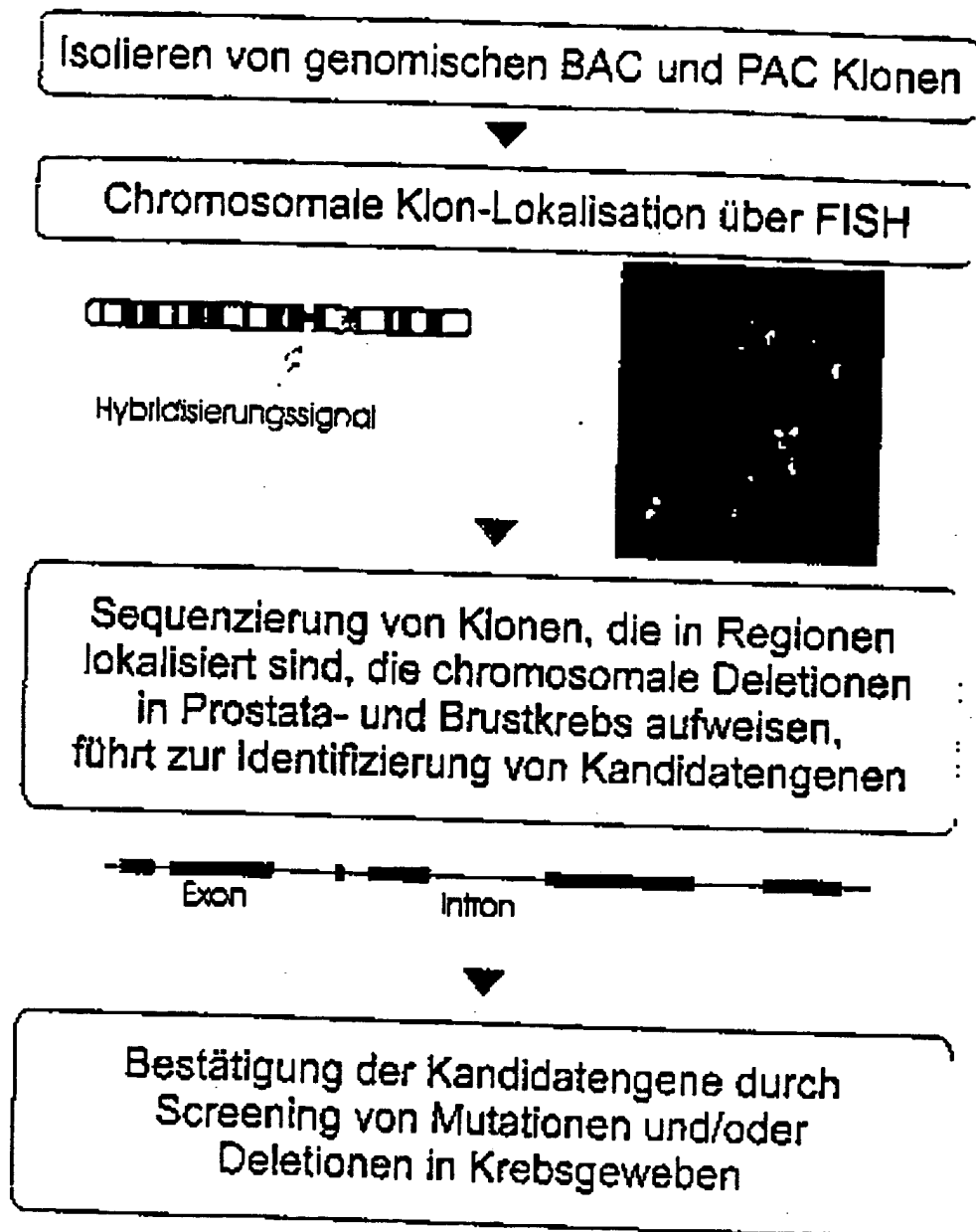


Fig. 5

PCT
WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro
INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)



<p>(51) Internationale Patentklassifikation 6 : C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, A61K 38/17</p>	A3	<p>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/47669</p> <p>(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 23. September 1999 (23.09.99)</p>
<p>(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/00908</p> <p>(22) Internationales Anmeldedatum: 19. März 1999 (19.03.99)</p> <p>(30) Prioritätsdaten: 198 13 839.3 20. März 1998 (20.03.98) DE</p> <p>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).</p> <p>(72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).</p>	<p>(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).</p> <p>Veröffentlicht <i>Mit internationalem Recherchenbericht.</i></p> <p>(88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenberichts: 15. Juni 2000 (15.06.00)</p>	

(54) Title: **HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM TISSUE OF BREAST TUMORS**

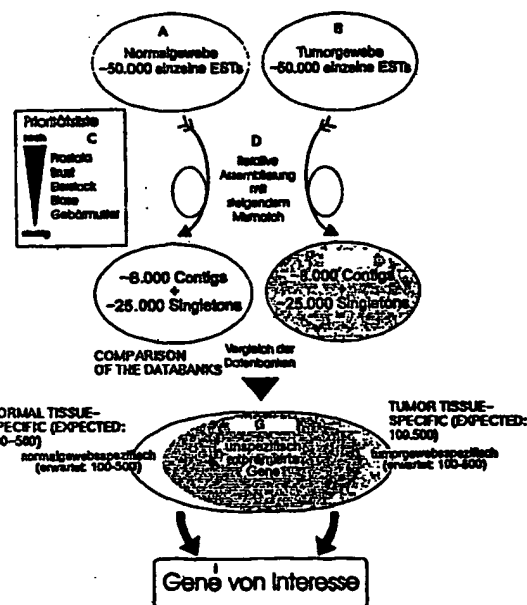
(54) Bezeichnung: **MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS BRUSTTUMORGeweBE**

(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences, mRNA, cDNA, genomic sequences, from tissue of breast tumors which code for gene products or parts thereof, and to the use of said nucleic acid sequences. The invention also relates to the polypeptides obtained from the sequences and to the use thereof.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen - mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Brusttumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.



A. NORMAL TISSUE 50.000 INDIVIDUAL ESTs
B. TUMOR TISSUE 50.000 INDIVIDUAL ESTs
C. PRIORITY LIST
HIGH
PROSTATE
BREAST
OVARY
BLADDER
UTERUS
LOW
D. ITERATIVE ASSEMBLING WITH INCREASING MISMATCH
E. UNSPECIFICALLY EXPRESSED GENES
L. GENES OF INTEREST

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabon	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauritanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 6 C12N15/12 C07K14/47 C07K16/18 A61K38/17

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 6 C12N C07K A61K

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMEST25 Eintrag No. AA262637 19. März 1997 NCI-CGAP: "zs16c12.r1 NCI CGAP GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:685366 5'" XP002126994 the whole document	1,5-10, 23,24
X	EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMEST25 Eintrag No. AA156898 18. Januar 1997 HILLIER, L. ET AL.: "z120b08.r1 Soares pregnant uterus NbHPU Homo sapiens cDNA clone 502455 5'" XP002126995 the whole document	1,5-10, 36

-/--



Further documents are listed in the continuation of box C.



Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents :

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier document but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

"Z" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

11 January 2000

Date of mailing of the international search report

6 April 2000

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Fuchs, U

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	<p>WO 96 38463 A (WASHINGTON UNIVERSITY) 5 December 1996 (1996-12-05)</p> <p>SEQ ID NOS: 1 and 2 page 30 -page 32 page 26, line 11 -page 29, line 5 page 47; figure 6 page 49; figure 8</p> <p>---</p>	1-14, 16-32, 34-36
A	<p>JI, H. ET AL.: "Identification of a Breast Cancer-specific Gene, BCSG1, by Direct Differential cDNA Sequencing" CANCER RESEARCH, vol. 57, no. 4, 15 February 1997 (1997-02-15), pages 759-764, XP002065403 abstract</p> <p>---</p>	1-14, 16-32, 34-36
P,X	<p>EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMHUM1 Eintrag No. AF131800 15. März 1999 MEI, G. ET AL.: "Homo sapiens clone 24955 mRNA sequence, partial cds" XP002126996 the whole document</p> <p>---</p>	1,5-10, 23,24, 32,36
T	<p>SCHMITT, A.O. ET AL.: "Exhaustive mining of EST libraries for genes differentially expressed in normal and tumor tissue" NUCLEIC ACIDS RESEARCH, vol. 27, no. 21, 1 November 1999 (1999-11-01), pages 4251-4260, XP002126641 the whole document</p> <p>-----</p>	1-14, 16-32, 34-36

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:
2. ☒ Claims Nos.: **15 and 33**
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:

See supplemental sheet Additional Matter PCT/ISA/210
3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:
4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:
(1-14, 16-32 and 34-36) partly

Remark on Protest

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

Continuation of Field I.2

Claims Nos. 15 and 33

Relevant Patent Claim No. 15 relates to a DNA fragment which can be obtained according to Claim No. 14 and which comprises a gene. No search for the DNA fragment laid claim to in Claim No. 15 was carried out since the patent claim lacks the corresponding support and the patent application lacks the necessary disclosure.

Relevant Patent Claim No. 33 relates to an excessively large number of possible products which can be supported by the description under the terms of PCT Article 6 and can be regarded as being disclosed in the patent application under the terms of PCT Article 5. In the case in question, the patent claim lacks the corresponding support and the patent application lacks the necessary disclosure to such a degree that a meaningful search appears to be impossible to conduct with respect to the scope for which protection is sought. For this reason, no search was carried out for the products laid claim to in Claim No. 33.

The applicant is therefore advised that patent claims or sections of patent claims laid to inventions for which no international search report was drafted normally cannot be the subject of an international preliminary examination (PCT Rule 66.1(e)). Similar to the authority entrusted with the task of carrying out the international preliminary examination, the EPO also does not generally carry out a preliminary examination of subject matter for which no search has been conducted. This is also valid in the case when the patent claims have been amended after receipt of the international search report (PCT Article 19), or in the case when the applicant submits new patent claims pursuant to the procedure in accordance with PCT Chapter II.

1. Claims Nos. (1-14, 16-32 and 34-36) in part

Nucleic acid sequence relating to SEQ ID NO: 3, an allelic or complementary variant thereof; BAC, PAC and cosmid clone, expression cassette and host cell containing this sequence; uses of said nucleic acid sequence and method for producing a polypeptide. Antibody directed against a polypeptide or fragment which is coded by nucleic acid sequence SEQ ID NO: 3; polypeptide partial sequence relating to SEQ ID NO: 71 (corresponding to Table II) and the uses thereof; medicament containing at least one polypeptide partial sequence SEQ ID NO: 71.

Inventions 2 to 81, Claims Nos. (1-14, 16-32 and 34-36) in part

Nucleic acid sequence successively relating to individual SEQ ID NOS: 2, 4 to 67, 149 to 161, 201, 202, an allelic or complementary variant thereof; BAC, PAC and cosmid clone, expression cassette and host cell containing this sequence; uses of said nucleic acid sequence and method for producing a polypeptide. Antibody directed against a polypeptide or fragment which is coded by nucleic acid sequence SEQ ID NOS: 2, 4-67, 149-161, 201, 202; Polypeptide partial sequences relating to SEQ ID NOS: 72-148, 162-198 (corresponding to Table II) and the uses thereof; medicament containing at least one polypeptide partial sequence SEQ ID NOS: 72-148, 162-198.

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 9638463 A	05-12-1996	US 5668267 A	16-09-1997
		AT 190313 T	15-03-2000
		AU 698823 B	05-11-1998
		AU 5961696 A	18-12-1996
		BR 9609270 A	11-05-1999
		CA 2222747 A	05-12-1996
		CZ 9703783 A	17-06-1998
		EP 0833834 A	08-04-1998
		HU 9900873 A	28-07-1999
		JP 11507212 T	29-06-1999
		NO 975508 A	18-03-1998
		PL 323632 A	14-04-1998
		US 6004756 A	21-12-1999
		US 5968754 A	19-10-1999
		US 5855889 A	05-01-1999
		US 5922836 A	13-07-1999

A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES

IPK 6 C12N15/12 C07K14/47 C07K16/18 A61K38/17

Nach der internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierter Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)

IPK 6 C12N C07K A61K

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMEST25 Eintrag No. AA262637 19. März 1997 NCI-CGAP: "zs16c12.r1 NCI CGAP GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:685366 5'" XP002126994 das ganze Dokument	1,5-10, 23,24
X	EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMEST25 Eintrag No. AA156898 18. Januar 1997 HILLIER, L. ET AL.: "z120b08.r1 Soares pregnant uterus NbHPU Homo sapiens cDNA clone 502455 5'" XP002126995 das ganze Dokument	1,5-10, 36

-/-

☒ Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen☒ Siehe Anhang Patentfamilie

* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :

"A" Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

"E" älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

"L" Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

"O" Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

"P" Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

"T" Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

"X" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

"Y" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

"Z" Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

11. Januar 2000

Absenddatum des internationalen Recherchenberichts

06. APR. 2000

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde

Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax (+31-70) 340-3018

Bevollmächtigter Bediensteter

Fuchs, U

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	<p>WO 96 38463 A (WASHINGTON UNIVERSITY) 5. Dezember 1996 (1996-12-05)</p> <p>SEQ ID NOS: 1 and 2 Seite 30 -Seite 32 Seite 26, Zeile 11 -Seite 29, Zeile 5 Seite 47; Abbildung 6 Seite 49; Abbildung 8 ---</p>	1-14, 16-32, 34-36
A	<p>JI, H. ET AL.: "Identification of a Breast Cancer-specific Gene, BCSG1, by Direct Differential cDNA Sequencing" CANCER RESEARCH, Bd. 57, Nr. 4, 15. Februar 1997 (1997-02-15), Seiten 759-764, XP002065403 Zusammenfassung ---</p>	1-14, 16-32, 34-36
P,X	<p>EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMHUM1 Eintrag No. AF131800 15. März 1999 MEI, G. ET AL.: "Homo sapiens clone 24955 mRNA sequence, partial cds" XP002126996 das ganze Dokument ---</p>	1,5-10, 23,24, 32,36
T	<p>SCHMITT, A.O. ET AL.: "Exhaustive mining of EST libraries for genes differentially expressed in normal and tumor tissue" NUCLEIC ACIDS RESEARCH, Bd. 27, Nr. 21, 1. November 1999 (1999-11-01), Seiten 4251-4260, XP002126641 das ganze Dokument -----</p>	1-14, 16-32, 34-36

Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr.
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich
2. ☒ Ansprüche Nr. 15 und 33
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich
siehe Zusatzblatt WEITERE ANGABEN PCT/ISA/210
3. ☐ Ansprüche Nr.
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.
2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.
3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.
4. ☒ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:
(1-14, 16-32 und 34-36) teilweise

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

- ☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.
- ☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch.

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Fortsetzung von Feld 1.2

Ansprüche Nr.: 15 und 33

Der geltende Patentanspruch 15 bezieht sich auf ein gemäss Anspruch 14 erhältlichliches DNA-Fragment, welches ein Gen umfasst. Da dem Patentanspruch die entsprechende Stütze und der Patentanmeldung die nötige Offenbarung fehlen, wurde keine Recherche für das in Anspruch 15 beanspruchte DNA-Fragment ausgeführt.

Der geltende Patentanspruch 33 bezieht sich auf eine unverhältnismäßig große Zahl möglicher Produkte, welche sich weder im Sinne von Art. 6 PCT auf die Beschreibung stützen und noch im Sinne von Art. 5 PCT als in der Patentanmeldung offenbart gelten können. Im vorliegenden Fall fehlt dem Patentanspruch die entsprechende Stütze und fehlt der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Maße, daß eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Daher wurde keine Recherche für die in Anspruch 33 beanspruchten Produkte ausgeführt.

Der Anmelder wird darauf hingewiesen, daß Patentansprüche, oder Teile von Patentansprüchen, auf Erfindungen, für die kein internationaler Recherchenbericht erstellt wurde, normalerweise nicht Gegenstand einer internationalen vorläufigen Prüfung sein können (Regel 66.1(e) PCT). In seiner Eigenschaft als mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragte Behörde wird das EPA also in der Regel keine vorläufige Prüfung für Gegenstände durchführen, zu denen keine Recherche vorliegt. Dies gilt auch für den Fall, daß die Patentansprüche nach Erhalt des internationalen Recherchenberichtes geändert wurden (Art. 19 PCT), oder für den Fall, daß der Anmelder im Zuge des Verfahrens gemäß Kapitel II PCT neue Patentanprüche vorlegt.

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

1. Ansprüche: (1-14, 16-32 und 34-36) teilweise

Nukleinsäuresequenz sich beziehend auf SEQ ID NO: 3, eine allelische oder komplementäre Variante davon; BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend; Verwendungen besagter

Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der Nukleinsäuresequenz SEQ ID NO: 3 kodiert wird; Polypeptid-Teilsequenz sich beziehend auf SEQ ID NO: 71 (entsprechend Tabelle II) und deren Verwendungen; Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz SEQ ID NO: 71.

Erfindungen 2 bis 81, Ansprüche: (1-14, 16-32 und 34-36) teilweise

Nukleinsäuresequenz sich sukzessiv beziehend auf die einzelnen SEQ ID NOS: 2, 4 bis 67, 149 bis 161, 201, 202, eine allelische oder komplementäre Variante davon; BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend; Verwendungen besagter

Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der Nukleinsäuresequenz SEQ ID NOS: 2, 4-67, 149-161, 201, 202 kodiert wird;

Polypeptid-Teilsequenzen sich beziehend auf SEQ ID NOS: 72-148, 162-198 (entsprechend Tabelle II) und deren Verwendungen; Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz SEQ ID NOS: 72-148, 162-198.

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
WO 9638463 A	05-12-1996	US 5668267 A	16-09-1997
		AT 190313 T	15-03-2000
		AU 698823 B	05-11-1998
		AU 5961696 A	18-12-1996
		BR 9609270 A	11-05-1999
		CA 2222747 A	05-12-1996
		CZ 9703783 A	17-06-1998
		EP 0833834 A	08-04-1998
		HU 9900873 A	28-07-1999
		JP 11507212 T	29-06-1999
		NO 975508 A	18-03-1998
		PL 323632 A	14-04-1998
		US 6004756 A	21-12-1999
		US 5968754 A	19-10-1999
		US 5855889 A	05-01-1999
		US 5922836 A	13-07-1999
